

This Page Is Inserted by IFW Operations  
and is not a part of the Official Record

## **BEST AVAILABLE IMAGES**

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images may include (but are not limited to):

- BLACK BORDERS
- TEXT CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES
- FADED TEXT
- ILLEGIBLE TEXT
- SKEWED/SLANTED IMAGES
- COLORED PHOTOS
- BLACK OR VERY BLACK AND WHITE DARK PHOTOS
- GRAY SCALE DOCUMENTS

**IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.**

**As rescanning documents *will not* correct images,  
please do not report the images to the  
Image Problem Mailbox.**



# 日 本 国 特 許 庁

PATENT OFFICE  
JAPANESE GOVERNMENT

別紙添付の書類に記載されている事項は下記の出願書類に記載されている事項と同一であることを証明する。

This is to certify that the annexed is a true copy of the following application as filed with this Office.

出 願 年 月 日

Date of Application:

2000年 4月 7日

出 願 番 号

Application Number:

特願2000-159162

出 願 人

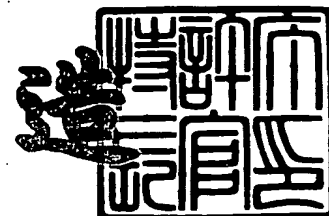
Applicant (s):

協和醗酵工業株式会社

2001年 3月 2日

特許庁長官  
Commissioner,  
Patent Office

及 川 耕 造



出証番号 出証特2000-3104457

本証明書には以下のCD-Rが付属している。

ファイル名 : S E Q 1 . t x t

ファイルサイズ : 2 4 . 9 M B (26,184,440byte)

記録日 : 2 0 0 0 年 4 月 6 日

【書類名】 特許願

【整理番号】 H12-0681J2

【提出日】 平成12年 4月 7日

【あて先】 特許庁長官殿

【国際特許分類】 C12N 15/09

【発明者】

【住所又は居所】 東京都町田市旭町3丁目6番6号 協和醗酵工業株式会  
社 東京研究所内

【氏名】 中川 智

【発明者】

【住所又は居所】 東京都町田市旭町3丁目6番6号 協和醗酵工業株式会  
社 東京研究所内

【氏名】 溝口 寛

【発明者】

【住所又は居所】 東京都町田市旭町3丁目6番6号 協和醗酵工業株式会  
社 東京研究所内

【氏名】 安藤 聖子

【発明者】

【住所又は居所】 東京都町田市旭町3丁目6番6号 協和醗酵工業株式会  
社 東京研究所内

【氏名】 横井 治彦

【発明者】

【住所又は居所】 山口県防府市協和町1番1号 協和醗酵工業株式会社  
技術研究所内

【氏名】 尾崎 明夫

【特許出願人】

【識別番号】 000001029

【氏名又は名称】 協和醗酵工業株式会社

【代表者】 平田 正

【先の出願に基づく優先権主張】

【出願番号】 平成11年特許願第377484号

【出願日】 平成11年12月16日

【手数料の表示】

【予納台帳番号】 008187

【納付金額】 21,000円

【提出物件の目録】

【物件名】 明細書 1

【物件名】 図面 1

【物件名】 要約書 1

【プルーフの要否】 要

【書類名】 明細書

【発明の名称】 新規ポリヌクレオチド

【特許請求の範囲】

【請求項 1】 配列番号 1 ～ 3 4 9 2 のいずれかに示される塩基配列からなるポリヌクレオチド。

【請求項 2】 配列番号 1 ～ 3 4 9 2 のいずれかに示されるポリヌクレオチドとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、実質的に該ポリヌクレオチドの活性を有するポリヌクレオチド。

【請求項 3】 配列番号 1 ～ 3 4 9 2 のいずれかに示される塩基配列からなるポリヌクレオチドとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、実質的に該ポリヌクレオチドの活性を有するコリネバクテリウム (Corynebacterium) 属に属する微生物由来のポリヌクレオチド。

【請求項 4】 配列番号 1 ～ 3 4 9 2 のいずれかに示される塩基配列において 1 以上の塩基が欠失、置換若しくは付加された塩基配列からなり、実質的に該ポリヌクレオチドの活性を有するポリヌクレオチド。

【請求項 5】 配列番号 1 ～ 3 4 9 2 のいずれかに示される塩基配列において 1 以上の塩基が欠失、置換若しくは付加された塩基配列からなり、実質的に該ポリヌクレオチドの活性を有するコリネバクテリウム (Corynebacterium) 属に属する微生物由来のポリヌクレオチド。

【請求項 6】 配列番号 1 ～ 3 4 9 2 のいずれかに示される塩基配列からなるポリヌクレオチドと少なくとも 6 0 % の相同性を有し、実質的に該ポリヌクレオチドの活性を有するポリヌクレオチド。

【請求項 7】 配列番号 1 ～ 3 4 9 2 のいずれかに示される塩基配列からなるポリヌクレオチドと少なくとも 6 0 % の相同性を有し、実質的に該ポリヌクレオチドの活性を有するコリネバクテリウム (Corynebacterium) 属に属する微生物由来のポリヌクレオチド。

【請求項 8】 配列番号 1 ～ 3 4 9 2 のいずれかに存在するオープンリーディングフレームによりコードされるポリペプチドをコードするポリヌクレオチド。

【請求項 9】 請求項 1 ～ 8 のいずれか 1 項に記載のポリヌクレオチドの有する

塩基配列中の連続する少なくとも5～60塩基からなる配列を有するポリヌクレオチドまたは該ポリヌクレオチドと相補的な配列を有するポリヌクレオチド。

【請求項10】 コリネバクテリウム属に属する微生物がコリネバクテリウム・グルタミクム (*Corynebacterium glutamicum*) に属する微生物またはその類縁微生物である請求項3、5および7のいずれか1項記載のポリヌクレオチド。

【請求項11】 コリネバクテリウム・グルタミクム (*Corynebacterium glutamicum*) に属する微生物がコリネバクテリウム・グルタミクム (*Corynebacterium glutamicum*) ATCC13032である請求項10項記載のポリヌクレオチド。

【請求項12】 請求項1～11のいずれか1項に記載のポリヌクレオチドを含むポリヌクレオチドアレイ。

【請求項13】 配列番号1～3492のいずれかに存在するオープンリーディングフレームによりコードされるポリペプチド。

【請求項14】 配列番号3493～6983のいずれかに示されるアミノ酸配列を有するポリペプチド。

【請求項15】 請求項13または14記載のポリペプチドのアミノ酸配列において1若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ請求項13または14記載のポリペプチドの活性を有するポリペプチド。

【請求項16】 請求項13または14記載のポリペプチドのアミノ酸配列において1若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ請求項13または14記載のポリペプチドの活性を有するコリネバクテリウム (*Corynebacterium*) に属する微生物由来のポリペプチド。

【請求項17】 配列番号3493～6983のいずれかに示されるアミノ酸配列と60%以上の相同性を有するアミノ酸配列を含み、かつ請求項13または14記載のポリペプチドの活性を有するポリペプチド。

【請求項18】 配列番号3493～6983のいずれかに示されるアミノ酸配列と60%以上の相同性を有するアミノ酸配列を含み、かつ請求項13または14記載のポリペプチドの活性を有するコリネバクテリウム (*Corynebacterium*) に属する微生物由来のポリペプチド。

【請求項 1 9】 コリネバクテリウム属に属する微生物がコリネバクテリウム・グルタミカム (Corynebacterium glutamicum) に属する微生物またはその類縁微生物である請求項 1 6 または 1 8 記載のポリペプチド。

【請求項 2 0】 コリネバクテリウム・グルタミカム (Corynebacterium glutamicum) に属する微生物がコリネバクテリウム・グルタミカム (Corynebacterium glutamicum) ATCC13032である請求項 1 9 記載のポリペプチド。

【請求項 2 1】 配列番号 1 に示される塩基配列を有するポリヌクレオチドであって、かつ請求項 1 3 ～ 2 0 のいずれか 1 項に記載のポリペプチドをコードするポリヌクレオチドの 5' 上流または 3' 下流に位置し、該ポリペプチドの発現を調節する活性を有するポリヌクレオチド。

【請求項 2 2】 請求項 2 1 のポリヌクレオチドとストリンジェントな条件でハイブリダイズし、かつポリペプチドの発現を調節する活性を有するポリヌクレオチド。

【請求項 2 3】 請求項 1 ～ 1 1、2 1 および 2 2 のいずれか 1 項に記載のポリヌクレオチドを含む組換えベクター。

【請求項 2 4】 請求項 1 ～ 1 1、2 1 および 2 2 のいずれか 1 項に記載のポリヌクレオチドまたは請求項 2 3 記載の組換えベクターを含む形質転換体。

【請求項 2 5】 請求項 2 4 記載の形質転換体を培地に培養し、培養物中にポリペプチドを生成蓄積させ、該培養物から該ポリペプチドを採取することを特徴とするポリペプチドの製造方法。

【請求項 2 6】 請求項 2 4 記載の形質転換体を培地に培養し、培養物中にアミノ酸、核酸およびビタミンから選ばれる少なくとも一種を生成蓄積させ、該培養物からアミノ酸、核酸およびビタミンから選ばれる少なくとも一種を採取することを特徴とするアミノ酸、核酸およびビタミンの製造法。

【請求項 2 7】 請求項 1 ～ 1 1、2 1 および 2 2 のいずれか 1 項に記載のヌクレオチドの塩基配列を記録したコンピューターで読み取り可能な媒体。

【請求項 2 8】 請求項 1 3 ～ 2 0 のいずれか 1 項に記載のポリペプチドのアミノ酸配列を記録したコンピューターで読み取り可能な媒体。

【請求項 2 9】 コンピューターで読み取り可能な媒体が、フロッピーディスク



ク、ハードディスク、磁気テープ、ランダムアクセスメモリ (RAM)、読み出し専用メモリ (ROM)、磁気光学ディスク (MO)、CD-ROM、CD-R、CD-RW、DVD-ROMおよびDVD-RAMからなる群から選ばれる請求項 27 または 28 記載のコンピュータで読み取り可能な媒体。

【請求項 30】 請求項 27～29 のいずれか 1 項に記載の媒体を用いて、請求項 1～11、21 および 22 のいずれか 1 項記載のポリヌクレオチドの塩基配列、または請求項 13～20 のいずれか 1 項記載のポリペプチドのアミノ酸配列より、生物学的に機能のある塩基配列もしくはアミノ酸配列を同定するためのコンピュータに基づく検索システム。

【請求項 31】 請求項 30 のシステムであって、(i) 請求項 1～11、21 および 22 のいずれか 1 項に記載のポリヌクレオチドの塩基配列もしくはその相補配列を含むデータ記録手段、(ii) 相同配列を同定するために(i)のデータ記録手段のヌクレオチドの塩基配列と標的配列を比較するための検索手段、および (iii) 工程(ii)の相同配列を得るための引き出し手段からなるコリネバクテリウム (*Corynebacterium*) 属に属する微生物のヌクレオチドまたはその断片を同定するためのコンピュータに基づくシステム。

【請求項 32】 請求項 30 のシステムであって、(i) 請求項 13～20 のいずれか 1 項に記載のポリペプチドのアミノ酸配列を含むデータ記録手段、(ii) 相同配列を同定するために(i)のデータ記録手段のポリペプチドのアミノ酸配列と標的配列を比較するための検索手段、および (iii) 工程(ii)の相同配列を得るための引き出し手段からなるコリネバクテリウム (*Corynebacterium*) 属に属する微生物のヌクレオチドまたはその断片がコードするポリペプチドを同定するためのコンピュータに基づくシステム。

【請求項 33】 コリネバクテリウム属に属する微生物がコリネバクテリウム・グルタミカム (*Corynebacterium glutamicum*) に属する微生物またはその類縁微生物である請求項 31 または 32 記載のシステム。

【請求項 34】 コリネバクテリウム・グルタミカム (*Corynebacterium glutamicum*) に属する微生物がコリネバクテリウム・グルタミカム (*Corynebacterium glutamicum*) ATCC13032である請求項 33 項記載のシステム。

【請求項 3 5】 請求項 2 7～2 9 のいずれか 1 項に記載の媒体を用いて、標的塩基配列またはそのアミノ酸翻訳配列と、請求項 1～1 1、2 1 および 2 2 のいずれか 1 項に記載のヌクレオチドの塩基配列またはそのアミノ酸翻訳配列を比較し、該標的配列との相違点を同定する方法。

【請求項 3 6】 請求項 2 7～2 9 のいずれか 1 項に記載の媒体を用いて、標的塩基配列またはそのアミノ酸翻訳配列と、請求項 1～1 1、2 1 および 2 2 のいずれか 1 項に記載のコリネバクテリウム・グルタミクム (*Corynebacterium glutamicum*) ATCC13032 のヌクレオチドの塩基配列またはそのアミノ酸翻訳配列を比較し、該標的配列とコリネバクテリウム・グルタミクム (*Corynebacterium glutamicum*) ATCC13032 との相違点を同定する方法。

【請求項 3 7】 アミノ酸、核酸、もしくはビタミン生産変異株における変異点を同定することを特徴とする請求項 3 5 または 3 6 記載の同定法。

【請求項 3 8】 生物体からヌクレオチドまたはポリヌクレオチドを単離し、請求項 1～1 1、2 1 および 2 2 のいずれか 1 項に記載のポリヌクレオチドの塩基配列、請求項 1 3～2 0 のいずれか 1 項に記載のポリペプチドをコードする塩基配列、若しくはそれらの相補配列を有するポリヌクレオチド断片をプライマーに用いて増幅し、該増幅産物を単離する方法。

【請求項 3 9】 増幅産物がコリネバクテリウム (*Corynebacterium*) 属に属する微生物由来の遺伝子断片のホモログである請求項 3 8 記載の方法。

【請求項 4 0】 請求項 3 8 または 3 9 記載の方法によって得られるポリヌクレオチドまたはその断片。

【発明の詳細な説明】

【0 0 0 1】

【発明の属する技術分野】

本発明はコリネバクテリウム (*Corynebacterium*) 属に属する微生物、とくにコリネバクテリウム・グルタミクム (*Corynebacterium glutamicum*) 由来のポリヌクレオチドおよびその断片、該ポリヌクレオチドおよびその断片よりコードされるポリペプチド、該ポリヌクレオチドおよびその断片を含むポリヌクレオチドアレイ、該ポリヌクレオチドおよびその断片の塩基配列を記録したコンピュータ

で読みとり可能な媒体およびそれらの使用に関する。

【 0 0 0 2 】

【従来の技術】

コリネバクテリウム・グルタミクム (Corynebacterium glutamicum) はグルタミン酸生産菌として同定されたグラム陽性バクテリアであり、その変異株により多くのアミノ酸が生産されている。例えば、旨味調味料として有用なL-グルタミン酸は全世界で年間100万トン、家畜飼料の添加物等に重要なL-リジンは年間25万トン、それ以外にもL-アルギニン、L-プロリン、L-グルタミン、L-トリプトファン等のアミノ酸がこの菌により各々年間数百トン以上のスケールで生産されている（日経バイオ年鑑99、日経BP社製、1998）。このようにこの菌はアミノ酸の製造を中心に、産業上非常に有用なバクテリアである。

【 0 0 0 3 】

コリネバクテリウム・グルタミクム (Corynebacterium glutamicum) によるアミノ酸生産は、おもに代謝経路およびその調節機構が変化した変異株（代謝変異株）により行われている。一般に生物は、必要量以上のアミノ酸を作らないように、さまざまな代謝調節機構を有している。例えば、L-リジンの生合成において、コリネバクテリウム (Corynebacterium) では、リジンおよびスレオニン、メチオニンの共通生合成酵素アスパルトキナーゼに対するリジンとスレオニンによる協奏的な活性阻害により、過剰生産が起らないように調節されている〔Shiiら、J. Biochem. 65:849-859 (1969)〕。またアルギニンについては、その生合成酵素の発現量がアルギニンにより抑制され、過剰生産が起らないように調節されている〔Sakanyanら、Microbiology 142:99-108 (1996)〕。アミノ酸生産変異株では、このような代謝調節機構が解除されていると考えられている。

【 0 0 0 4 】

しかしながら、コリネバクテリウム・グルタミクム (Corynebacterium glutamicum) についての基本的な遺伝学的、生化学的、分子生物学的な知識の集積は、大腸菌や枯草菌などに比べて十分とは言えない。また、アミノ酸生産変異株における変異遺伝子についても、ごくわずかな知見しかない。従って、例えば、いまだ知られていないさまざまな生育、および代謝調節機構が存在すると考えられ

る。それらが解明されれば、その知見を生かしてアミノ酸、核酸、ビタミン類等の有用生産物の生産性がさらに高まった変異株の育種が可能になると期待される。

#### 【0005】

コリネバクテリウム・グルタミクム (*Corynebacterium glutamicum*) ATCC13032株のゲノムに関する研究については、その染色体の物理地図を作成した報告がある [Batheら、Mol. Gen. Genet. 252:255-265 (1996)]。それによれば、この菌のゲノムサイズは約3100キロベースであり、通常のバクテリアの遺伝子密度を考慮すると、この中には約3000の遺伝子が存在すると予想される。コリネバクテリウム・グルタミクム (*Corynebacterium glutamicum*) では、既にアミノ酸生合成遺伝子を中心に百程度の遺伝子について塩基配列の報告がある。しかしながら上記推定遺伝子総数を考慮すると、ほとんどの遺伝子については塩基配列はいまだ解明されていない。

#### 【0006】

近年、いくつかの微生物、例えば大腸菌、結核菌、酵母等についてそのゲノムの全塩基配列決定が報告されている [Blattnerら、Science 277:1453-62 (1997) ; Coleら、Nature 393:537-544 (1998) ; Goffeauら、Nature 387:5-105 (1997)]。全塩基配列が決定されれば、遺伝子領域の推定が可能であり、またそれを公知の遺伝子の塩基配列と比較することにより、遺伝学的、生化学的、分子生物学的な実験をすることなく、膨大な数の遺伝子の機能の推定が可能である。また、後述の方法などによる発現解析のデータと合わせれば、特徴的な発現（例えば、非常に強い発現、特徴的な誘導条件による発現など）をもたらす配列の単離も可能である。コリネバクテリウム・グルタミクム (*Corynebacterium glutamicum*) におけるこれらの情報は、アミノ酸、核酸、ビタミン類等の有用生産物の代謝調節機構の推定、およびそこから導き出される新たな生産変異株のデザインに非常に重要である。

#### 【0007】

また近年、DNAチップあるいはDNAアレイとよばれる遺伝子あるいはその外のゲノム領域の部分核酸断片を基盤に貼り付けたものを用い、膨大な数の遺伝子につ

いて発現状況を同時に見たり、変異を検出する技術が開発され、酵母、結核菌、およびBCGワクチンに用いられるMycobacterium bovisなどの微生物の解析に成果を上げている〔DeRisiら、*Science* 278:680-686 (1997) ; Wilsonら、*Proc. Natl . Acad. Sci. USA* 96:12833-38 (1999) ; Behrら、*Science* 284:1520-23 (1999) 〕。コリネバクテリウム・グルタミクム (Corynebacterium glutamicum) においても、その塩基配列情報および構成遺伝子が明らかにされればDNAアレイなどのポリヌクレオチドアレイの作製が可能となり、遺伝子の発現調節機構の解析や変異株における変異点の同定などを行うことができる。

## 【 0 0 0 8 】

## 【発明が解決しようとする課題】

本発明の目的は、産業上有用なコリネバクテリウムに属する微生物の育種のために有用なコリネバクテリウム属に属する微生物、とくにコリネバクテリウム・グルタミクム (Corynebacterium glutamicum) 由来のポリヌクレオチドおよびその断片、該ポリヌクレオチドを含有するポリヌクレオチドアレイ、該ポリヌクレオチドまたはその断片によりコードされるポリペプチド、該ポリヌクレオチドまたはその断片を含む組換えベクター、該ポリヌクレオチドまたはその断片を保有する形質転換体、該形質転換体を用いる該ポリペプチド若しくは異種生物由来ポリペプチドまたはアミノ酸等の有用生産物の製造法、該ポリヌクレオチドまたはその断片の塩基配列若しくは該ポリペプチドのアミノ酸配列を記録したコンピュータで読み取り可能な媒体、ならびに当該配列より、生物学的に機能のある塩基配列またはアミノ酸配列を同定するためのコンピュータに基づくシステムを提供することにある。

## 【 0 0 0 9 】

## 【課題を解決するための手段】

本発明者らは、上記目的を達成すべく鋭意研究を重ねた結果、全ゲノムショットガン法の適用によりコリネバクテリウム・グルタミクム (Corynebacterium glutamicum) のゲノムの全ての塩基配列を決定し、本発明を完成するに至った。

本発明は、以下の(1)～(40)に関する。

(1) 配列番号1～3492のいずれかに示される塩基配列からなるポリヌク

レオチド。

【0010】

(2) 配列番号1～3492のいずれかに示されるポリヌクレオチドとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、実質的に該ポリヌクレオチドの活性を有するポリヌクレオチド。

【0011】

(3) 配列番号1～3492のいずれかに示される塩基配列からなるポリヌクレオチドとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、実質的に該ポリヌクレオチドの活性を有するコリネバクテリウム (Corynebacterium) 属に属する微生物由来のポリヌクレオチド。

【0012】

(4) 配列番号1～3492のいずれかに示される塩基配列において1以上の塩基が欠失、置換若しくは付加された塩基配列からなり、実質的に該ポリヌクレオチドの活性を有するポリヌクレオチド。

(5) 配列番号1～3492のいずれかに示される塩基配列において1以上の塩基が欠失、置換若しくは付加された塩基配列からなり、実質的に該ポリヌクレオチドの活性を有するコリネバクテリウム (Corynebacterium) 属に属する微生物由来のポリヌクレオチド。

【0013】

(6) 配列番号1～3492のいずれかに示される塩基配列からなるポリヌクレオチドと少なくとも60%の相同性を有し、実質的に該ポリヌクレオチドの活性を有するポリヌクレオチド。

(7) 配列番号1～3492のいずれかに示される塩基配列からなるポリヌクレオチドと少なくとも60%の相同性を有し、実質的に該ポリヌクレオチドの活性を有するコリネバクテリウム (Corynebacterium) 属に属する微生物由来のポリヌクレオチド。

【0014】

(8) 配列番号1～3492のいずれかに存在するオープンリーディングフレームによりコードされるポリペプチドをコードするポリヌクレオチド。

(9) (1)～(8)のいずれか1つに記載のポリヌクレオチドまたはポリヌクレオチド断片の有する塩基配列中の連続する少なくとも5～60塩基からなる配列を有するポリヌクレオチドまたは該ポリヌクレオチドと相補的な配列を有するポリヌクレオチド。

【0015】

(10) コリネバクテリウム属に属する微生物がコリネバクテリウム・グルタミカム (*Corynebacterium glutamicum*) に属する微生物またはその類縁微生物である(3)、(5)および(7)のいずれか1つのポリヌクレオチド。

(11) コリネバクテリウム・グルタミカム (*Corynebacterium glutamicum*) に属する微生物がコリネバクテリウム・グルタミカム (*Corynebacterium glutamicum*) ATCC13032である(10)のポリヌクレオチド。

【0016】

(12) (1)～(11)のいずれか1つのポリヌクレオチドを含むポリヌクレオチドアレイ。

(13) 配列番号1～3492のいずれかに存在するオープンリーディングフレームによりコードされるポリペプチド。

【0017】

(14) 配列番号3493～6983のいずれかに示されるアミノ酸配列を有するポリペプチド。

(15) (13)または(14)のポリペプチドのアミノ酸配列において1若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ(13)または(14)のポリペプチドの活性を有するポリペプチド。

【0018】

(16) (13)または(14)のポリペプチドのアミノ酸配列において1若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ(13)または(14)のポリペプチドの活性を有するコリネバクテリウム (*Corynebacterium*) に属する微生物由来のポリペプチド。

【0019】

(17) 配列番号3493～6983のいずれかに示されるアミノ酸配列と

60%以上の相同性を有するアミノ酸配列を含み、かつ(13)または(14)のポリペプチドの活性を有するポリペプチド。

(18) 配列番号3493~6983のいずれかに示されるアミノ酸配列と60%以上の相同性を有するアミノ酸配列を含み、かつ(13)または(14)のポリペプチドの活性を有するコリネバクテリウム (Corynebacterium) に属する微生物由来のポリペプチド。

【0020】

(19) コリネバクテリウム属に属する微生物がコリネバクテリウム・グルタミカム (Corynebacterium glutamicum) に属する微生物またはその類縁微生物である(16)または(18)のポリペプチド。

(20) コリネバクテリウム・グルタミカム (Corynebacterium glutamicum) に属する微生物がコリネバクテリウム・グルタミカム (Corynebacterium glutamicum) ATCC13032である(19)のポリペプチド。

【0021】

(21) 配列番号1に示される塩基配列を有するポリヌクレオチドであって、かつ(13)~(20)のいずれか1つのポリペプチドをコードするポリヌクレオチドの5'上流または3'下流に位置し、該ポリペプチドの発現を調節する活性を有するポリヌクレオチド。

【0022】

(22) (21)のポリヌクレオチドとストリンジェントな条件でハイブリダイズし、かつポリペプチドの発現を調節する活性を有するポリヌクレオチド。

(23) (1)~(11)、(21)および(22)のいずれか1つのポリヌクレオチドを含む組換えベクター。

【0023】

(24) (1)~(11)、(21)および(22)のいずれか1つのポリヌクレオチドまたは(23)の組換えベクターを含む形質転換体。

(25) (24)の形質転換体を培地に培養し、培養物中にポリペプチドを生成蓄積させ、該培養物から該ポリペプチドを採取することを特徴とするポリペプチドの製造方法。



【0024】

(26) (24) の形質転換体を培地に培養し、培養物中にアミノ酸、核酸およびビタミンから選ばれる少なくとも一種を生成蓄積させ、該培養物からアミノ酸、核酸およびビタミンから選ばれる少なくとも一種を採取することを特徴とするアミノ酸、核酸およびビタミンの製造法。

【0025】

(27) (1) ~ (11)、(21) および (22) のいずれか1つのヌクレオチドの塩基配列を記録したコンピューターで読み取り可能な媒体。

(28) (13) ~ (20) のいずれか1つのポリペプチドのアミノ酸配列を記録したコンピューターで読み取り可能な媒体。

【0026】

(29) コンピューターで読み取り可能な媒体が、フロッピーディスク、ハードディスク、磁気テープ、ランダムアクセスメモリ (RAM)、読み出し専用メモリ (ROM)、磁気光学ディスク (MO)、CD-ROM、CD-R、CD-RW、DVD-ROM および DVD-RAM からなる群から選ばれる (27) または (28) のコンピューターで読み取り可能な媒体。

【0027】

(30) (27) ~ (29) のいずれか1つの媒体を用いて、(1) ~ (11)、(21) および (22) のいずれか1つのポリヌクレオチドの塩基配列、または (13) ~ (20) のいずれか1つのポリペプチドのアミノ酸配列より、生物学的に機能のある塩基配列もしくはアミノ酸配列を同定するためのコンピューターに基づく検索システム。

【0028】

(31) (30) のシステムであって、(i) (1) ~ (11)、(21) および (22) のいずれか1つのポリヌクレオチドの塩基配列もしくはその相補配列を含むデータ記録手段、(ii) 相同配列を同定するために (i) のデータ記録手段のヌクレオチドの塩基配列と標的配列を比較するための検索手段、および (iii) 工程 (ii) の相同配列を得るための引き出し手段からなるコリネバクテリウム (*Corynebacterium*) 属に属する微生物のヌクレオチドまたはその断片を同定するた

めのコンピュータに基づくシステム。

【0029】

(32) (30) のシステムであって、(i) (13) ~ (20) のいずれか1項に記載のポリペプチドのアミノ酸配列を含むデータ記録手段、(ii) 相同配列を同定するために(i)のデータ記録手段のポリペプチドのアミノ酸配列と標的配列を比較するための検索手段、および (iii) 工程(ii)の相同配列を得るための引き出し手段からなるコリネバクテリウム (Corynebacterium) 属に属する微生物のヌクレオチドまたはその断片がコードするポリペプチドを同定するためのコンピュータに基づくシステム。

【0030】

(33) コリネバクテリウム属に属する微生物がコリネバクテリウム・グルタミクム (Corynebacterium glutamicum) に属する微生物またはその類縁微生物である(31)または(32)のシステム。

(34) コリネバクテリウム・グルタミクム (Corynebacterium glutamicum) に属する微生物がコリネバクテリウム・グルタミクム (Corynebacterium glutamicum) ATCC13032である(33)のシステム。

【0031】

(35) (27) ~ (29) のいずれかの媒体を用いて、標的塩基配列またはそのアミノ酸翻訳配列と、(1) ~ (11)、(21) および (22) のいずれか1つのヌクレオチドの塩基配列またはそのアミノ酸翻訳配列を比較し、該標的配列との相違点を同定する方法。

【0032】

(36) (27) ~ (29) のいずれか1つの媒体を用いて、標的塩基配列またはそのアミノ酸翻訳配列と、(1) ~ (11)、(21) および (22) のいずれか1つのコリネバクテリウム・グルタミクム (Corynebacterium glutamicum) ATCC13032のヌクレオチドの塩基配列またはそのアミノ酸翻訳配列を比較し、該標的配列とコリネバクテリウム・グルタミクム (Corynebacterium glutamicum) ATCC13032との相違点を同定する方法。

【0033】

(37) アミノ酸、核酸、もしくはビタミン生産変異株における変異点を同定することを特徴とする(35)または(36)の同定法。

(38) 生物体からヌクレオチドまたはポリヌクレオチドを単離し、(1)～(11)、(21)および(22)のいずれか1つのポリヌクレオチドの塩基配列、(13)～(20)のいずれか1つのポリペプチドをコードする塩基配列、若しくはそれらの相補配列を有するポリヌクレオチド断片をプライマーに用いて増幅し、該増幅産物を単離する方法。

【0034】

(39) 増幅産物がコリネバクテリウム (*Corynebacterium*) 属に属する微生物由来の遺伝子断片のホモログである(38)の方法。

(40) (38)または(39)の方法によって得られるポリヌクレオチドまたはその断片。

【0035】

【発明の実施の形態】

以下、本発明について更に詳細に説明する。

本発明は、コリネバクテリウム・グルタミカム (*Corynebacterium glutamicum*) のゲノムの全塩基配列決定に基づく。決定された該ゲノムの塩基配列を、配列番号1に示す。また、配列番号1に示した塩基配列より、オープンリーディングフレーム (open reading frame: 以下、ORFと略記する) 同定ソフトGlimmer [The Institute of Genomic Research; Salzbergら、Nuc. Acids Res. 26:544-548 (1998)] により決定されるORFの塩基配列を配列番号2～3492に示す。配列番号2～3492に示された塩基配列によりコードされるポリペプチドのアミノ酸配列を配列番号3493～6983に示す。本明細書で使用される塩基配列およびアミノ酸配列とは、IUPAC命名システムにより表されるヌクレオチド配列及びアミノ酸配列をいう。

【0036】

本発明の一つの実施形態は、特定の構造的または機能的特性を持つコリネバクテリウム (*Corynebacterium*) に属する微生物由来のポリヌクレオチドおよびその断片に関する。

コリネバクテリウム (Corynebacterium) に属する微生物とは、Bergeys Manual of Determinative Bacteriology第8版599頁(1974)に定義される一群の微生物であり、グラム陽性、好気性、非抗酸性、孢子形成能を有しない桿菌である。また、本発明でいうコリネバクテリウム (Corynebacterium) に属する微生物とは、従来プレビバクテリウム属に分類されていたが現在コリネバクテリウム属として統合された細菌を含み、またコリネバクテリウム属細菌と非常に近縁なプレビバクテリウム属またはミクロバクテリウム属細菌を含む。

## 【 0 0 3 7 】

このようなコリネバクテリウム属に属する微生物のうち、コリネバクテリウム・グルタミクム (Corynebacterium glutamicum) に代表される一群の微生物は、グルタミン酸生産性を有することが知られ、染色体DNAの塩基配列組成も類似であることが示されている [Lieblら、Int. J. Syst. Bacteriol. 41:255-60 (1991)]。そのようなコリネバクテリウム・グルタミクム (Corynebacterium glutamicum) に非常に近縁なグルタミン酸生産性微生物としては次のようなものが挙げられる。本発明においてはこれら微生物を、コリネバクテリウム・グルタミクム (Corynebacterium glutamicum) に属する微生物またはその類縁微生物と称する。

## 【 0 0 3 8 】

具体的には、コリネバクテリウム・アセトアシドフィルム (Corynebacterium acetoacidophilum) ATCC 13870、コリネバクテリウム・アセトグルタミクム (Corynebacterium acetoglutamicum) ATCC 15806、コリネバクテリウム・カルナエ (Corynebacterium callunae) ATCC 15991、コリネバクテリウム・グルタミクム (Corynebacterium glutamicum) ATCC 13032、ATCC 13060、ATCC 13826 (旧属種プレビバクテリウム・フラバム)、ATCC 14020 (旧属種プレバクテリウム・ディバリカタム)、ATCC 13869 (旧属種プレビバクテリウム・ラクトフェルメンタム)、コリネバクテリウム・ハーキュリス (Corynebacterium herculis) ATCC 13868、コリネバクテリウム・リリウム (Corynebacterium lilium) ATCC 15990、コリネバクテリウム・メラセコーラ (Corynebacterium melassecola)

a) ATCC 17965、コリネバクテリウム・サーモアミノゲネス (Corynebacterium thermoaminogenes) AJ 12340、ブレビバクテリウム・サッカロリ  
 テイクム (Brevibacterium saccharolyticum) ATCC 14066、ブレビバク  
 テリウム・インマリオフィラム (Brevibacterium immariophilum) ATCC 14  
 068、ブレビバクテリウム・ロゼウム (Brevibacterium roseum) ATCC 1  
 3825、ブレビバクテリウム・チオゲニタリス (Brevibacterium thiogenitalis) ATCC 19240、ミクロバクテリウム・アンモニアフィラム (Microbac  
 terium ammoniaphilum) ATCC 15354 等が挙げられる。

本発明でいうポリヌクレオチドとは、一本鎖および二本鎖DNAならびに一本鎖RNA  
 を含有するが、これらに限定されない。

【0039】

本発明のポリヌクレオチドとしては、配列番号1～3492に示される塩基配  
 列を有するポリヌクレオチドおよびその断片の他、当該ポリヌクレオチドまたは  
 その断片とストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、実質的に該ポリヌク  
 レオチドの活性を有するポリヌクレオチドが包含される。

【0040】

ストリンジェントな条件下でハイブリダイズするポリヌクレオチドとは、配列  
 番号1～3492に示される塩基配列を有するポリヌクレオチドをプローブとし  
 て、コロニー・ハイブリダイゼーション法、プラーク・ハイブリダイゼーション  
 法あるいはサザンブロットハイブリダイゼーション法等を用いることにより得ら  
 れるポリヌクレオチドを意味し、具体的には、コロニーあるいはプラーク由来の  
 ポリヌクレオチドを固定化したフィルターを用いて、0.7～1.0Mの塩化ナ  
 トリウム存在下、65℃でハイブリダイゼーションを行った後、0.1～2倍濃  
 度のSSC溶液（1倍濃度のSSC溶液の組成は、150mM塩化ナトリウム、  
 15mMクエン酸ナトリウムよりなる）を用い、65℃条件下でフィルターを洗  
 浄することにより同定できるポリヌクレオチドをあげることができる。ハイブリ  
 ダイゼーションは、Molecular Cloning, A Laboratory Manual, Second Editio  
 n, Cold Spring Harbor Laboratory Press (1989)（以下、モレキュラー・クロ  
 ーニング第2版と略す）、Current Protocols in Molecular Biology, John Wil

ey & Sons (1987-1997) (以下、カレント・プロトコールズ・イン・モレキュラー・バイオロジーと略す)、DNA Cloning 1: Core Techniques, A Practical Approach, Second Edition, Oxford University (1995)等に記載されている方法に準じて行うことができる。ハイブリダイズ可能なポリヌクレオチドとして具体的には、FASTA [Pearsonら、Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85:2444-48 (1988)]、BLAST [Altschulら、J.Mol.Biol. 215:403-410 (1990)]、またはSmith-Waterman [Watermanら、Methods in Enzymology 164:765 (1988)]等の相同性検索ソフトウェアを用いて計算したときに、配列番号1～3492に示される塩基配列と少なくとも60%以上の相同性を有するDNA、好ましくは80%以上の相同性を有するDNA、さらに好ましくは95%以上の相同性を有するDNAをあげることができる。

#### 【0041】

また、本発明のポリヌクレオチドは、配列番号1～3492のいずれかに示される塩基配列において1以上の塩基が欠失、置換若しくは付加された塩基配列からなり、実質的に該ポリヌクレオチドの活性を有するポリヌクレオチドを包含する。

上述の方法で取得した本発明のポリヌクレオチドおよびその断片を用いて、モレキュラー・クローニング第2版等に記載の常法により、あるいは該ポリヌクレオチドの塩基配列情報よりポリヌクレオチド合成機により、本発明のポリヌクレオチドの一部の配列を有するアンチセンス・ポリヌクレオチド、センス・ポリヌクレオチド等のポリヌクレオチドを調製することができる。

#### 【0042】

該ポリヌクレオチドとしては、上記ポリヌクレオチドの有する塩基配列中の連続した5～60塩基と同じ配列を有するポリヌクレオチドまたは該ポリヌクレオチドと相補的な配列を有するポリヌクレオチドをあげることができ、具体的には、配列番号1～3492で表される塩基配列中の連続した5～60塩基と同じ配列を有するポリヌクレオチドまたは該ポリヌクレオチドと相補的な配列を有するポリヌクレオチドをあげることができる。センスプライマーおよびアンチセンスプライマーとして用いる場合には、両者の融解温度 ( $T_m$ ) および塩基数が極端

に変わることはない上記のポリヌクレオチドが好ましい。

【 0 0 4 3 】

更に、これらポリヌクレオチドの誘導体（以下、ポリヌクレオチド誘導体という）も本発明のポリヌクレオチドとして利用することができる。

該ポリヌクレオチド誘導体としては、ポリヌクレオチド中のリン酸ジエステル結合がホスフォロチオエート結合に変換されたポリヌクレオチド誘導体、ポリヌクレオチド中のリン酸ジエステル結合がN 3' - P 5' ホスフォアミデート結合に変換されたポリヌクレオチド誘導体、ポリヌクレオチド中のリボースとリン酸ジエステル結合がペプチド核酸結合に変換されたポリヌクレオチド誘導体、ポリヌクレオチド中のウラシルがC - 5 プロピニルウラシルで置換されたポリヌクレオチド誘導体、ポリヌクレオチド中のウラシルがC - 5 チアゾールウラシルで置換されたポリヌクレオチド誘導体、ポリヌクレオチド中のシトシンがC - 5 プロピニルシトシンで置換されたポリヌクレオチド誘導体、ポリヌクレオチド中のシトシンがフェノキサジン修飾シトシン（phenoxazine-modified cytosine）で置換されたポリヌクレオチド誘導体、ポリヌクレオチド中のリボースが2' - O - プロピルリボースで置換されたポリヌクレオチド誘導体、あるいはポリヌクレオチド中のリボースが2' - メトキシエトキシリボースで置換されたポリヌクレオチド誘導体等をあげることができる〔細胞工学, 16, 1463 (1997)〕。

【 0 0 4 4 】

該ポリヌクレオチドおよび該ポリヌクレオチド誘導体は、ハイブリダイゼーションプローブ、PCRプライマー、アンチセンス核酸として有用であり、あるいはセンス鎖若しくはアンチセンス鎖をゲノムとする一本鎖DNAもしくは一本鎖RNAベクター〔例えば、センダイウィルスベクター；Nagaiら、Rev. Med. Virol. 9:83-99 (1999)〕における挿入形態でもある。

【 0 0 4 5 】

配列番号 2 ~ 3 4 9 2 で示される塩基配列を有するコリネバクテリウム・グルタミカム (*Corynebacterium glutamicum*) のORFは、終止コドンを含まないアミノ酸の一連のトリプレットのコドンを意味し、ポリペプチドに翻訳可能な配列である。その縮重変異体とは、塩基配列では本発明のORFの配列と異なってい

るが、遺伝コードの縮重により同一のポリペプチド配列をコードするポリヌクレオチド断片をいう。当該縮重変異体も本発明のポリヌクレオチドに包含される。

## 【 0 0 4 6 】

上記 O R F の塩基配列番号、該 O R F によりコードされるアミノ酸配列番号、配列番号 1 に示されるコリネバクテリウム・グルタミクム (Corynebacterium glutamicum) のゲノム塩基配列における該 O R F の 5' 端 (開始) および 3' 端 (終止) の位置、該 O R F の長さ (ポリヌクレオチド長)、GenPept、SwissPlot のいずれかの公知のデータベース中のアミノ酸配列の中で、相同性検索ソフトウェア FrameSearch (Compugen 社) によるアミノ酸翻訳配列での相同性検索の結果該 O R F 配列と最も相同性が高いと判定される配列の上記データベースにおける登録番号およびその配列の遺伝子名、その遺伝子の機能、並びに該公知のアミノ酸翻訳配列との比較における同一性および類似性を表第 1-1 ~ 第 1-97 に示す。ここで、同一性とは、例えば、3 つのアミノ酸位置が異なる 10 アミノ酸長の 2 つのポリペプチドは、70% の同一性を有するとされる。また、例えば、上記の互いに異なる 3 アミノ酸のうち 1 つについて、アミノ酸は異なっても類似 (例えばロイシンとイソロイシン) であれば、80% の類似性を有するとされる。

## 【 0 0 4 7 】



【表1】

第1-1表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7ミ/酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
2	3493	1	1572	1572bp	gp: X92503	M. smegmatis dnaA	53.7	78.9	chromosomal replication initiator protein
3	3494	1920	1597	324bp					
4	3495	2205	2077	129bp					
5	3496	2292	3473	1182bp	gp: X92503	M. smegmatis dnaN	50.5	81.8	dna polymerase III beta chain
6	3497	3585	4766	1182bp	gp: X92503	M. smegmatis recF	53.3	79.8	DNA replication and SOS induction
7	3498	4766	5299	534bp	gp: Z80233	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0004, ORF187	38.1	59.3	ORF187 in recF region
8	3499	5354	7486	2133bp	gp: Z80233	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0005, gyrB	71.9	88.9	dna gyrase subunit b
9	3500	7830	8795	966bp	gp: Z92770	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0134, ephE	25.5	48.1	epoxide hydrolase
10	3501	9466	8798	669bp	gp: D26185	B. subtilis DNA, 180 kilobase region of replication origin	22.0	53.5	replication origin
11	3502	9914	9474	441bp	gp:				
12	3503	9562	10071	510bp	gp:				
13	3504	11177	10107	1071bp	gp: Z77162	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0485	29.4	50.7	NAGC/XYLR repressor
14	3505	11523	11263	261bp	gp:				
15	3506	11529	11714	186bp	gp:				
16	3507	11768	11523	246bp	gp: AL021529	Streptomyces coelicolor cosmid 10A5; SC10A5.13	58.5	66.0	
17	3508	11831	14398	2568bp	gp: Z80233	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0006, gyrA	70.5	88.1	dna gyrase subunit a
18	3509	14405	14746	342bp	gp: Z80233	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0007	29.5	69.6	
19	3510	16243	15209	1035bp	gp: U00007	47 to 48 centisome region of E. coli K12 BHB2600	33.7	63.5	
20	3511	16314	17207	894bp	gp: Z77163	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2282c, LysR	41.6	70.6	
21	3512	17251	17670	420bp	gp:				
22	3513	17708	17812	105bp	gp:				
23	3514	17724	17822	99bp	gp:				
24	3515	18729	17860	870bp	gp: U32823	Haemophilus influenzae Rd section 138 of 163	29.3	64.4	
25	3516	19497	18736	762bp	gp: AE001010	Archaeoglobus fulgidus section 97 of 172	30.4	56.1	
26	3517	19705	20073	369bp	gp: Z83859	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1846c	36.8	70.1	repressor

【0048】

【表 2】

第 1-2 表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7ミ/酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
27	3518	20073	21065	993bp	gp: AL008609	Mycobacterium leprae cosmid B1788; MLCB1788.18	24.9	50.8	membrane protein
28	3519	21053	21145	93bp					
29	3520	21253	21074	180bp	gp:				
30	3521	21426	21524	99bp	gp:				
31	3522	21597	22124	528bp	gp: X96983	B. subtilis : cspB	36.5	61.4	similarity (C-terminal half) to UDP-sugar hydrolase precursor (ushA)
32	3523	22164	23399	1236bp	gp:				
33	3524	23779	23615	165bp	gp: U21300	Corynebacterium striatum hypothetical protein ORF4	52.9	72.5	
34	3525	24145	24729	585bp	gp: AF036166	Xanthomonas campestris ohr	51.1	79.9	organic hydroperoxide resistance protein
35	3526	24911	25018	108bp	gp:				
36	3527	26573	24885	1689bp	gp: AJ248286	Pyrococcus abyssi complete genome; segment 4/6; PAB0790.	30.8	59.0	
37	3528	28099	26822	1278bp	gp: AL121600	Streptomyces coelicolor cosmid F76; SCF76.12c	50.0	74.3	secreted protein
38	3529	29117	28164	954bp	gp: AL121600	Streptomyces coelicolor cosmid F76; SCF76.13c	45.6	74.3	solute-binding lipoprotein
39	3530	29965	29117	849bp	gp: AL121600	Streptomyces coelicolor cosmid F76; SCF76.15c	55.3	82.8	ABC transporter protein
40	3531	29995	30651	657bp	gp: AL121600	Streptomyces coelicolor cosmid F76; SCF76.16	48.1	73.8	ABC transport protein, ATP-binding subunit
41	3532	30697	31677	981bp	gp: AL049727	Streptomyces coelicolor cosmid 981; SC981.17c	48.6	77.2	secreted solute binding protein
42	3533	31677	32699	1023bp	gp: M13169	E. coli K12 rbsD	30.4	68.3	high affinity ribose transport system
43	3534	32699	33457	759bp	gp: AL009199	Streptomyces coelicolor cosmid 787; SC787.07	46.9	75.9	ABC-transport system ATP binding protein
44	3535	34280	33465	816bp					
45	3536	34330	34899	570bp	gp: Z80233	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0009	79.9	89.9	peptidyl-prolyl cis-trans isomerase
46	3537	34982	35668	687bp	gp: AL021926	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0010	30.8	61.5	
47	3538	37242	36247	996bp					
48	3539	37182	38198	1017bp	gp: AL109848	Streptomyces coelicolor cosmid 151; SC151.26c	43.7	76.4	iron-siderophore uptake system transmembrane component

【0049】

【表3】

第1-3表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7シ 酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
49	3540	38202	38978	777bp	gp: AL109848	Streptomyces coelicolor cosmid 151; SC151.25c	54.9	84.1	iron-siderophore uptake system ATP- binding component
50	3541	38978	39799	822bp	gp: U32676	Vibrio vulnificus vluB	26.2	52.7	vibriobactin receptor precursor
51	3542	40458	40189	270bp	gp: Z80233	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0011	40.0	72.6	
52	3543	42513	40576	1938bp	gp: Z70722	Mycobacterium leprae pknB	40.6	68.7	serine-threonine protein kinase
53	3544	42658	42762	105bp	gp:				
54	3545	43919	42513	1407bp	gp: Z80233	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0015c	41.4	68.6	protein kinase A
55	3546	45347	43926	1422bp	gp: Z80233	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0016c	44.1	67.9	penicillin binding protein
56	3547	46669	45347	1323bp	gp: Z80233	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0017c	47.8	77.6	cell division protein
57	3548	48021	46669	1353bp	gp: Z80233	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0018c	44.1	70.8	phosphoprotein phosphatase
58	3549	48485	48024	462bp	gp: Z80233	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0019c	38.7	66.5	
59	3550	49422	48505	918bp	gp: Z80233	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0020c	23.6	38.8	
60	3551	49601	49455	147bp					
61	3552	50616	49897	720bp	gp:				
62	3553	50972	50754	219bp	gp:				
63	3554	51436	50966	471bp	gp:				
64	3555	53095	51626	1470bp	gp: AE000351	Escherichia coli K- 12 gabD	46.7	78.2	succinic semialdehyde dehydrogenase
65	3556	53633	53538	96bp	gp:				
66	3557	53055	54008	954bp	gp:				
67	3558	54044	55546	1503bp	gp: D86934	Staphylococcus aureus ORF N053	40.1	70.5	
68	3559	56417	55629	789bp	gp: D90909	Synechocystis sp. PCC6803 ORF_ID:slr1262	42.1	72.2	
69	3560	56676	56386	291bp	gp: D84432	Bacillus subtilis BACJH642_9	40.5	74.3	
70	3561	57270	56680	591bp	gp: D90909	Synechocystis sp. PCC6803 ORF_ID:slr1261	36.3	70.4	
71	3562	57313	57651	339bp	gp: Z95890	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1766	53.2	81.9	
72	3563	58087	58941	855bp					
73	3564	59091	59930	840bp					
74	3565	59952	60662	711bp	gp:				
75	3566	60669	62321	1653bp	gp:				
76	3567	63523	62390	1134bp	gp: U15180	Mycobacterium leprae corA	29.5	59.5	magnesium and cobalt transport protein

【0050】

【表 4】

第 1-4 表

配列 番号 (塩 基配 列)	配列番 号(ジ ン酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
77	3568	64040	63594	447bp	gp:				
78	3569	64163	65458	1296bp	gp: AF179611	Zymomonas mobilis ZM4 AF179611.12	30.0	64.8	channel transporter
79	3570	66197	65508	690bp	gp: D90714	Escherichia coli ORF ID: o17942	23.7	53.1	
80	3571	66599	67972	1374bp	gp: AL021897	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1095	64.2	86.7	ATP-binding protein
81	3572	68170	68301	132bp					
82	3573	68634	68251	384bp	gp:				
83	3574	70555	68720	1836bp	gp: AL096811	Streptomyces coelicolor SC130A.31c	48.9	80.4	integral membrane transporter
84	3575	71462	71349	114bp					
85	3576	70506	72158	1653bp	gp: AL022374	Streptomyces coelicolor	34.6	62.7	probable two- component sensor
86	3577	72161	72814	654bp	gp: AL022374	Streptomyces coelicolor SC588.18c	37.4	63.5	two-component transcriptional regulator
87	3578	73728	72817	912bp	gp: U31230	Corynebacterium glutamicum unkdh	43.3	73.7	D-isomer specific 2-hydroxyacid dehydrogenases
88	3579	73727	74272	546bp	gp:				
89	3580	74278	74379	102bp	gp:				
90	3581	74490	75491	1002bp	gp: U31281	Corynebacterium glutamicum bioB	99.4	99.7	biotin synthase
91	3582	75506	75742	237bp	gp: Z95586	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1590	72.1	79.1	
92	3583	75981	75730	252bp	gp:				
93	3584	76253	76023	231bp	gp:				
94	3585	76276	76398	123bp	gp:				
95	3586	76353	76469	117bp	gp:				
96	3587	78030	77920	111bp	gp:				
97	3588	78406	78191	216bp	gp:				
98	3589	79910	79656	255bp	gp:				
99	3590	83568	82120	1449bp	gp: AL034443	Streptomyces coelicolor SC485.03c	30.2	63.3	integral membrane efflux protein
100	3591	84959	83691	1269bp	gp: D38505	Bacillus sp gene for creatinine deaminase	97.2	99.8	creatinine deaminase
101	3592	85403	85098	306bp	gp:				
102	3593	85374	85261	114bp	gp:				
103	3594	86277	85663	615bp	gp:				
104	3595	86318	87241	924bp	gp: AL121596	Streptomyces coelicolor SCF51A.30	50.0	71.9	SIR2-like regulatory protein
105	3596	88532	87561	972bp	gp: AL096849	Streptomyces coelicolor SC111.24c	33.7	63.6	secreted lipase
106	3597	89444	88545	900bp	gp: AL096849	Streptomyces coelicolor SC111.24c	33.5	60.8	secreted lipase
107	3598	89472	89570	99bp	gp:				
108	3599	89558	90445	888bp	gp:				

【0051】

【表5】

第1-5表

配列 番号 (塩 基配 列)	配列番 号(7シ 酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
109	3600	90973	90461	513bp	gp: Z99123	Bacillus subtilis ipa-10r	25.7	61.8	transcriptional regulator (MarR family)
110	3601	91174	91473	300bp	gp: D14439	Thermophilic Bacillus ureA	77.0	96.0	urease subunits and urease accessory proteins
111	3602	91503	91988	486bp	gp: AF048779	Actinomyces naeslundii ureB	59.8	84.3	urease beta-subunit
112	3603	91992	93701	1710bp	gp: AF048780	Actinomyces naeslundii ureC	66.7	87.9	urease alpha- subunit
113	3604	93729	94199	471bp	gp: AF048782	Actinomyces naeslundii ureE	47.3	68.9	urease accessory protein
114	3605	94199	94879	681bp	gp: D14439	Thermophilic Bacillus ureF	38.5	72.9	urease accessory protein
115	3606	94899	95513	615bp	gp: AF048784	Actinomyces naeslundii ureG	80.7	95.5	urease accessory protein
116	3607	95517	96365	849bp	gp: AF048781	Actinomyces naeslundii ureD	44.0	69.7	urease accessory protein
117	3608	97144	96368	777bp	gp: Y12804	A. radiobacter echA	21.2	48.4	epoxide hydrolase
118	3609	98470	97319	1152bp	gp:				
119	3610	98498	98611	114bp	gp:				
120	3611	101582	98808	2775bp	gp: AF116463	Streptomyces lincolnensis wdlA	25.5	39.7	regulatory protein
121	3612	103465	101612	1854bp	gp: AE000153	Escherichia coli htpG	23.8	52.7	heat shock protein
122	3613	103479	104909	1431bp	gp: D90837	E. coli ORF ID: o347#3	41.0	68.2	AMP nucleosidase
123	3614	105751	105173	579bp	gp:				
124	3615	106392	105841	552bp	gp: AP000064	Aeropyrum pernix genomic DNA	58.7	29.6	
125	3616	107289	106630	660bp	gp:				
126	3617	107435	110890	3456bp	gp: AE001444	Helicobacter pylori, strain J99 section 5	34.1	62.0	
127	3618	111161	111274	114bp	gp:				
128	3619	111374	112318	945bp	gp: U95374	Haloferax volcanii plasmid pHV3 oxidoreductase genes	32.8	62.1	oxidoreductase
129	3620	112470	114083	1614bp	gp: D90772	E. coli ORF ID: o261#8	36.5	71.4	efflux pump component
130	3621	114093	115478	1386bp	gp: AL021841	Mycobacterium tuberculosis H37Rv amiB	34.0	64.6	aminohydrolase simila
131	3622	115536	115943	408bp	gp: AL0968	Streptomyces coelicolor SC130A.08	39.8	74.1	
132	3623	115949	116263	315bp	gp:				
133	3624	118599	116548	2052bp	gp:				
134	3625	119589	118810	780bp	gp: AL096743	Streptomyces coelicolor SC17.15	34.8	61.2	galacticol utilisation operon repressor
135	3626	119765	119920	156bp	gp:				
136	3627	119970	120410	441bp	gp: Z99120	Bacillus subtilis yurT	57.9	78.6	methylglyoxalase
137	3628	120922	120413	510bp	gp: AL096844	Streptomyces coelicolor SC128.03c	35.1	64.9	

【0052】

【表6】

第1-6表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7シ 酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
138	3629	122459	120951	1509bp	gp: AF007800	Pseudomonas fluorescens mt10	43.5	70.4	mannitol dehydrogenase
139	3630	123841	122507	1335bp	gp: Z99118	Bacillus subtilis csbX	33.1	69.6	sigma B transcribed gene
140	3631	123842	124030	189bp	gp:				
141	3632	124121	124966	846bp	gp: U57100	Brucella abortus orf254	30.9	64.0	
142	3633	124917	126350	1434bp	gp: M73789	Streptomyces rubiginosus xylB	45.0	68.1	xylulose kinase
143	3634	127339	126353	987bp	gp: X96580	C. glutamicum panC	100.0	100.0	pantoate-beta-alanine ligase
144	3635	127171	127992	822bp	gp:				
145	3636	128004	127192	813bp	gp: X96580	C. glutamicum panB	100.0	100.0	3-methyl-2-oxobutanoate hydroxymethyltransferase
146	3637	129049	128099	951bp	gp:				
147	3638	130118	129489	630bp	gp: Z95117	Mycobacterium leprae MLC1351.17c	43.4	69.0	3-methylpurine DNA glycosylase
148	3639	130145	130798	654bp	gp:				
149	3640	131738	130815	924bp	AB029896	Petroleum-degrading bacterium HD-1 gene	39.3	69.3	esterase HDE
150	3641	131798	132424	627bp	gp:				
151	3642	132424	132981	558bp	gp: AE000749	Aquifex aeolicus section 81 of 109	42.4	76.5	
152	3643	134140	132971	1170bp	gp: Z77162	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0485	28.0	57.2	
153	3644	135478	134207	1272bp	gp: AL023496	Streptomyces coelicolor	32.8	64.4	
154	3645	136321	135518	804bp	gp:				
155	3646	136565	136122	444bp	gp:				
156	3647	136804	138744	1941bp	gp:				
157	3648	138791	140329	1539bp	gp:				
158	3649	140329	141789	1461bp	gp: AJ248288	Pyrococcus abyssi PAB1246	27.6	51.8	
159	3650	141919	141809	111bp	gp:				
160	3651	141796	143526	1731bp	gp: AF116463	Streptomyces lincolnensis wdlA			regulatory protein
161	3652	143575	144639	1065bp	gp:				
162	3653	144725	145480	756bp	gp:				
163	3654	146396	145518	879bp	gp: U32750	Haemophilus influenzae Rd	30.9	69.2	
164	3655	146522	147238	717bp	gp: AL118515	Streptomyces coelicolor SCD17.08c	42.1	72.3	integral membrane protein
165	3656	147238	147570	333bp	gp:				
166	3657	148043	147573	471bp	gp: AF116184	Corynebacterium glutamicum panD	100.0	100.0	L-aspartate-alpha-decarboxylase precursor
167	3658	148122	149780	1659bp	gp:				
168	3659	150930	149794	1137bp	gp: D90710	Escherichia coli ORF_ID:o175410	32.4	62.3	
169	3660	151589	150966	624bp	gp:				
170	3661	151572	152369	798bp	gp: D90863	E. coli mepA	34.7	70.2	penicillin-insensitive murein endopeptidase
171	3662	152410	152814	405bp	gp:				

【0053】

【表7】

第1-7表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7シ酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
172	3663	155754	153226	2529bp	gp: AL109732	Streptomyces coelicolor SC7H2.14	35.5	58.5	ATP-binding RNA helicase
173	3664	155853	156167	315bp					
174	3665	156830	156147	684bp	gp: D26185	Bacillus subtilis orfF	38.3	73.2	acetyltransferase
175	3666	156830	157537	708bp	gp: J02607	E. coli alkB	34.7	60.7	O-6-Methylguanine-DNA methyltransferase
176	3667	157584	158138	555bp	gp: Z93777	Mycobacterium tuberculosis H37Rv tagA	39.0	61.6	dna-3-methyladenine glycosidase I
177	3668	158154	158831	678bp	gp: U32810	Haemophilus influenzae Rd section 125 of 163	29.3	67.0	
178	3669	158869	159159	291bp	gp: D26185	Bacillus subtilis oriC region	50.9	72.7	replication origin
179	3670	159147	160013	867bp	gp: Z95210	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0911	37.8	66.0	
180	3671	160029	160370	342bp	gp:				
181	3672	160431	161360	930bp	gp:				
182	3673	162295	161363	933bp	gp:				
183	3674	162390	162295	96bp	gp:				
184	3675	162439	162867	429bp	gp: AL035161	Streptomyces coelicolor SC9C7.14c	38.7	77.4	
185	3676	162965	163603	639bp	gp:				
186	3677	165755	163689	2067bp	gp: AL021928	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0198c	46.5	68.8	zinc metalloprotease
187	3678	165717	166457	741bp	gp:				
188	3679	166457	167419	963bp	gp:				
189	3680	168718	167837	882bp	gp: Z99121	Bacillus subtilis (section 18 of 21)	29.9	70.9	
190	3681	168816	169991	1176bp	gp: D14399	Bacillus subtilis yxdC	26.7	71.4	myo-inositol catabolism
191	3682	169996	170916	921bp					
192	3683	170843	172444	1602bp	gp: L48550	Streptomyces coelicolor msdA	61.0	86.1	methylmalonic acid semialdehyde dehydrogenase
193	3684	172468	173355	888bp	gp: D14399	Bacillus subtilis yxdB	33.2	58.2	myo-inositol catabolism
194	3685	173365	175275	1911bp	gp: D14399	Bacillus subtilis yxdD	41.0	69.8	myo-inositol catabolism
195	3686	175319	176272	954bp	gp: X78503	Sinorhizobium meliloti mocC	29.7	51.0	
196	3687	176308	177318	1011bp	gp: AL049863	Streptomyces coelicolor SC5H1.38	48.2	73.2	myo-inositol dehydrogenase
197	3688	177328	178203	876bp	gp: D14399	Bacillus subtilis yxdG	72.1	72.1	myo-inositol catabolism
198	3689	178285	179658	1374bp	gp: L10328	E. coli yie0	34.2	73.1	drug resistance translocases
199	3690	179689	180711	1023bp	gp: Z99121	Bacillus subtilis section 18 of 21	33.4	70.5	
200	3691	180842	181297	456bp	gp:				
201	3692	181264	181647	384bp	gp:				
202	3693	182679	181687	993bp	gp: AJ009798	Streptomyces reticuli cebR gene	32.0	61.9	regulatory protein

【0054】

【表 8】

第 1-8 表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7ミ/酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
203	3694	182819	184051	1233bp	gp: AL023862	Streptomyces coelicolor SC3F9.05	35.6	68.7	oxidoreductase
204	3695	184077	185087	1011bp	gp: Z99108	Bacillus subtilis yfiH	33.7	64.7	
205	3696	185214	185642	429bp	gp: AL023093	Mycobacterium leprae csp8	77.6	92.5	small cold-shock protein
206	3697	186508	186708	201bp	gp:				
207	3698	186769	187302	534bp	gp:				
208	3699	187302	187607	306bp	gp:				
209	3700	187687	188100	414bp	gp: Z97050	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0187	29.5	61.0	o-methyltransferase
210	3701	188122	188256	135bp	gp:				
211	3702	188725	188300	426bp	gp:				
212	3703	189847	188747	1101bp	gp: AE001711	Thermotoga maritima section 23 of 136	31.6	61.7	catabolite control protein A
213	3704	189920	190321	402bp	gp:				
214	3705	190628	190389	240bp	gp:				
215	3706	192229	190703	1527bp	gp: AB007638	Bsillus subtilis ydjK	50.6	82.0	metabolite transport protein
216	3707	192435	192533	99bp	gp:				
217	3708	192857	194464	1608bp	gp: AF024666	Corynebacterium striatum plasmid pTP10 tnp1513	43.0	70.8	transposase 1513
218	3709	194480	194632	153bp	gp:				
219	3710	195038	194604	435bp	gp:				
220	3711	195240	199769	4530bp	gp:				
221	3712	199772	201289	1518bp	gp: AB024708	Corynebacterium glutamicum gltD	99.4	99.8	small subunit of NADH-dependent glutamate synthase
222	3713	201580	201341	240bp	gp:				
223	3714	201775	201620	156bp	gp:				
224	3715	203244	201760	1485bp	gp: AL022121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3698	44.6	72.8	
225	3716	205471	205581	111bp	gp:				
226	3717	207011	203541	3471bp	gp: U46844	Mycobacterium smegmatis embC	42.9	72.6	arabinosyl transferase
227	3718	209037	207007	2031bp	gp: Z80343	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3792	35.0	66.1	membrane protein
228	3719	209968	209210	759bp	gp: U46844	Mycobacterium smegmatis; protein_id="AAC4527.6.1	59.5	83.3	short-chain alcohol dehydrogenase
229	3720	211455	209992	1464bp	gp: Z80343	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3790	66.0	85.1	oxidoreductase
230	3721	211768	211535	234bp	gp:				
231	3722	211777	212283	507bp	gp:				
232	3723	212283	212735	453bp	gp:				
233	3724	212656	213657	1002bp	gp: AF116463	Streptomyces lincolnensis wdiA	29.8	42.7	regulatory protein
234	3725	213664	214107	444bp	gp: Z80343	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3789	60.5	83.9	
235	3726	214121	214522	402bp	gp:				

【0055】



【表 9】

第 1-9 表

配列 番号 (塩 基配 列)	配列番 号(ミ ズ)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
236	3727	214527	215159	633bp	gp: Z83859	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1864c	43.2	73.8	
237	3728	216100	215162	939bp	gp: Z80343	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3782	63.6	79.1	
238	3729	216264	216605	342bp	gp:				
239	3730	216712	216116	597bp	gp:				
240	3731	216947	216843	105bp	gp:				
241	3732	217929	217141	789bp	gp: Z80343	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3781	76.2	93.1	ABC transporter ATP-binding proteins
242	3733	218845	217943	903bp	gp: Z80343	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3783	57.2	83.0	transport system permease
243	3734	218949	220151	1203bp	gp: Z80343	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3778c	36.5	63.0	
244	3735	221131	220154	978bp	gp: AL096822	Streptomyces coelicolor SCG3.24c	50.8	78.0	quinone oxidoreductase
245	3736	221712	221131	582bp	gp:				
246	3737	223694	222210	1485bp	gp: Z73234	B. subtilis DNA (26.2 kb fragment; 170 degree region)	46.7	75.8	sodium/proton dependent alanine carrier
247	3738	224065	223922	144bp	gp:				
248	3739	224336	225244	909bp	gp:				
249	3740	226324	225242	1083bp	gp: Z95150	Mycobacterium tuberculosis H37Rv moaB	44.0	66.4	involved in molybdopterin metabolism
250	3741	226839	226312	528bp	gp: Y10817	Arthrobacter nicotinovorans moaE	75.3	44.7	molybdopterin synthase, large subunit
251	3742	227230	226760	471bp	gp: AL022004	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0865	40.8	65.6	MOLYBDOPTERIN BIOSYNTHESIS MOG PROTEIN
252	3743	227685	227218	468bp	gp: Y10817	Arthrobacter nicotinovorans moaC	61.7	84.4	molybdopterin co- factor synthesis protein
253	3744	228887	227703	1185bp	gp: Y10817	Arthrobacter nicotinovorans moaA	34.5	58.6	molybdopterin co- factor synthesis protein
254	3745	229751	228891	861bp	gp: Z83859	Mycobacterium tuberculosis H37Rv modB	41.9	71.9	transport system permease for molybdate uptake
255	3746	230514	229711	804bp	gp: Z83859	Mycobacterium tuberculosis H37Rv modA	37.1	67.1	molybdate binding protein attached to membrane by lipid- modified N-terminal cysteine
256	3747	230566	230928	363bp	gp: AL022004	Mycobacterium tuberculosis H37Rv moaD-2	37.5	70.8	molybdopterin converting factor (subunit 1)
257	3748	231842	230931	912bp	gp: AP000001	Pyrococcus horikoshii OT3 position (1/7)	34.8	66.1	
258	3749	232267	231848	420bp	gp: AL049571	Mycobacterium leprae MLC1672.03c	39.0	74.8	membrane protein

【0056】

【表10】

第1-10表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7ミ/酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
259	3750	233282	232260	1023bp	gp: Z80343	Mycobacterium tuberculosis H37Rv hisC2	49.6	76.8	histidinol-phosphate aminotransferase
260	3751	233573	233674	102bp	gp:				
261	3752	233913	234818	906bp	gp:				
262	3753	235203	234910	294bp	gp:				
263	3754	235290	235409	120bp	gp:				
264	3755	235423	235331	93bp	gp:				
265	3756	236212	235451	762bp	gp: AL031866	Yersinia pestis ORF49	31.9	58.6	transcriptional regulator (LysR family)
266	3757	236326	237342	1017bp	gp: X92868	Bacillus subtilis CDS complement (10953-12002)	35.2	67.5	
267	3758	237345	238145	801bp	gp: D12511	M. rubens gene	21.5	38.1	oxidase
268	3759	238176	239525	1350bp	gp: D90905	Synechocystis sp. ORF_ID:slr1216	37.3	70.5	
269	3760	239772	239945	174bp	gp:				
270	3761	239935	241515	1581bp	gp: AE000541	Helicobacter pylori 26695 section 19 of 134	51.4	78.5	
271	3762	241635	241540	96bp	gp:				
272	3763	242947	241883	1065bp	gp: AL022121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3754	46.1	69.1	oxidoreductase
273	3764	242910	243431	522bp	gp: AL022121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3753c	48.8	73.8	
274	3765	243434	243910	477bp	gp: AL022121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3752c	56.5	74.2	cytidine and deoxycytidylate deaminases family
275	3766	244015	244215	201bp	gp:				
276	3767	244466	244816	351bp	gp:				
277	3768	244902	247304	2403bp	gp: AL121596	Streptomyces coelicolor SCF51A.01c	36.8	64.4	membrane transport protein
278	3769	247280	248572	1293bp	gp: Z99118	Bacillus subtilis complete genome (section 15 of 21)	43.2	68.8	RNA guanine transglycosylase
279	3770	249306	248557	750bp	gp: AE001747	Thermotoga maritima section 59 of 136	30.3	67.2	
280	3771	249428	250507	1080bp	gp:				
281	3772	250503	251939	1437bp	gp: AL035707	Streptomyces coelicolor SCE29.04c	22.8	53.2	ABC transporter
282	3773	251952	252830	879bp	gp: AE000562	Helicobacter pylori 26695 section 40 of 134	34.5	64.6	
283	3774	253819	252830	990bp	gp:				
284	3775	253932	254078	147bp	gp:				
285	3776	255282	254329	954bp	gp: Z95389	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3430c	34.3	62.1	IS1540 transposase
286	3777	255795	255493	303bp	gp:				
287	3778	256068	256205	138bp	gp:				

【0057】

【表11】

第1-11表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7/10)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
288	3779	256564	257895	1332bp	gp: AL022121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv33722c	57.6	81.8	
289	3780	257901	258530	630bp	gp:				
290	3781	258552	260876	2325bp	gp: AL022121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv dnaX	42.5	59.5	DNA POLYMERASE III SUBUNITS GAMMA (dnaZ) AND TAU (dnaX)
291	3782	260988	261296	309bp	gp: AL022121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3716c	55.6	83.8	
292	3783	261403	262056	654bp	gp: AL022121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv recR	63.3	82.3	recombination protein
293	3784	263296	262547	750bp	gp: AL022121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv cobQ2	54.0	75.0	cobryric acid synthases
294	3785	264567	263299	1269bp	gp: AL023596	Mycobacterium leprae MLC82407.24c	54.7	78.8	
295	3786	265679	264600	1080bp	gp: AL022121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv dnaQ	25.7	55.2	DNA polymerase III epsilon chain
296	3787	266099	265989	111bp	gp:				
297	3788	268011	266155	1857bp	gp: X70959	C. glutamicum gene leuA	100.0	100.0	isopropylmalate synthase
298	3789	269125	268259	867bp	gp: X70959	C. glutamicum orfX	100.0	100.0	
299	3790	269372	270634	1263bp	gp: X57226	C. glutamicum lysC-alpha	99.5	99.8	aspartate kinase
300	3791	270661	271692	1032bp	gp: X57226	C. glutamicum asd	100.0	100.0	aspartate-semialdehyde dehydrogenase
301	3792	271762	273195	1434bp					
302	3793	274121	273543	579bp	gp: Z73966	Mycobacterium tuberculosis H37Rv sigC	48.1	72.4	RNA polymerase sigma factor
303	3794	274319	275872	1554bp	gp: Z99108	Bacillus subtilis kat-19	52.9	76.4	vegetative catalase
304	3795	275892	276233	342bp					
305	3796	276248	275958	291bp	gp:				
306	3797	276764	276303	462bp	gp: AL049628	Streptomyces coelicolor lrpA	40.1	75.5	AsnC-family transcriptional regulator
307	3798	276812	277582	771bp	gp: Y11043	B. subtilis aziC	30.5	68.0	
308	3799	277582	277905	324bp	gp:				
309	3800	278365	278475	111bp	gp:				
310	3801	278302	277988	315bp	gp:				
311	3802	278742	278389	354bp	gp: AL078610	Streptomyces coelicolor SCH35.28c	37.9	73.3	transcriptional regulator
312	3803	278716	279894	1179bp	gp: AL078610	Streptomyces coelicolor SCH35.26	63.2	85.6	heavy metal resistance membrane protein
313	3804	279894	280280	387bp	gp:				
314	3805	280667	280350	318bp	gp:				
315	3806	280940	280671	270bp	gp:				
316	3807	281402	280950	453bp	gp:				
317	3808	282934	281405	1530bp	gp: Z93932	B. subtilis yufD	29.1	65.2	NADH dehydrogenase (ubiquinone)

【0058】

【表12】

第1-12表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7ミ/酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
318	3809	283318	282938	381bp	gd: AB015981	Staphylococcus aureus anhC	37.0	70.6	Na <sup>+</sup> /H <sup>+</sup> antiporter system responsible gene
319	3810	286209	283318	2892bp	gd: AF010496	Rhodobacter capsulatus strain SB1003 partial genome	32.9	61.9	
320	3811	286374	287858	1485bp	gd:				
321	3812	288830	287967	864bp	gd:				
322	3813	288961	289065	105bp	gd:				
323	3814	289797	289132	666bp	gd: AL049497	Streptomyces coelicolor SC6610.16	54.7	76.7	two component response regulator
324	3815	291244	289778	1467bp	gd: AL049497	Streptomyces coelicolor SC6610.15	40.8	70.9	two component sensor kinase
325	3816	291345	291443	99bp	gd:				
326	3817	291834	291274	561bp	gd:				
327	3818	291801	292418	618bp	gd: AL023514	Mycobacterium leprae MLC84.30	26.3	57.1	
328	3819	293512	292598	915bp	gd: AL022121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3683	50.5	74.8	
329	3820	293540	293992	453bp	gd: AL022121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3688c	55.2	78.6	0
330	3821	296389	294005	2385bp	gd: AL022121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv ponA	48.4	78.1	CLASS A PENICILLIN- BINDING PROTEIN
331	3822	297056	297403	348bp	gd: AL022121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3681c	67.1	87.5	regulatory protein
332	3823	297432	297623	192bp	gd:				
333	3824	297623	297784	162bp	gd: AL079353	Streptomyces coelicolor SCH17.10c	84.0	96.0	
334	3825	297793	298251	459bp	gd: AL022121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3678c	65.1	89.9	transcriptional regulator
335	3826	299697	298333	1365bp	gd: U00039	E. coli ORF_o440	38.2	72.0	metabolite transport
336	3827	301262	299727	1536bp	gd: AL021309	Mycobacterium tuberculosis H37Rv fadD13	36.0	64.2	Acyl-CoA Synthetase
337	3828	301419	301315	105bp	gd:				
338	3829	302037	301513	525bp	gd: AL109950	Streptomyces coelicolor SCJ4.28c	33.9	65.4	transcriptional regulator
339	3830	302168	303100	933bp	gd: Z82098	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3548c	34.8	65.5	dehydrogenase
340	3831	303134	304075	942bp	gd: Y08256	S. solfataricus orf c02006	36.9	66.0	
341	3832	304071	305264	1194bp	gd: AE001036	Archaeoglobus fulgidus section 71 of 172	36.2	63.8	
342	3833	305289	305759	471bp	gd: AL096811	Streptomyces coelicolor SC130A.19	47.3	75.3	

【0059】

【表13】

第1-13表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (73/酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
343	3834	306368	305196	1173bp	gp:				
344	3835	305859	306701	843bp	gp: AL022121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3677c	41.2	72.4	hydrolase
345	3836	307463	306783	681bp	gp: AL022121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3676	79.5	92.9	transcriptional regulator
346	3837	306801	307505	705bp	gp:				
347	3838	307599	307700	102bp	gp:				
348	3839	307919	307728	192bp	gp:				
349	3840	307956	308735	780bp	gp: AL022121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3674 c	68.3	88.6	Endonuclease III, (DNA N-GLYCOSYLASE ACTIVITY)
350	3841	308746	309303	558bp	gp: AL022121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3673 c	34.6	58.3	cytochromeC biogenesis protein
351	3842	309263	310039	777bp	gp: AL022121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3672 c	42.0	64.7	
352	3843	310133	311326	1194bp	gp: AL022121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3671 c	38.6	71.0	serine protease
353	3844	311831	311700	132bp	gp:				
354	3845	313144	311900	1245bp	gp: AL022121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv ephE	28.1	55.2	epoxide hydrolase
355	3846	313512	312910	603bp	gp: AL022121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3669	46.8	77.6	
356	3847	313571	313672	102bp	gp:				
357	3848	314600	313626	975bp	gp: AL022121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3661	47.6	75.7	
358	3849	314543	314638	96bp	gp:				
359	3850	314909	316003	1095bp	gp: AL022121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3660c	35.0	60.2	
360	3851	315973	317133	1161bp	gp: AL022121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3659c	54.9	79.8	conjugal transfer protein
361	3852	317079	317894	816bp	gp: AL022121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3658c	30.5	63.7	transmembrane protein
362	3853	317894	318466	573bp	gp: AL022121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3657c	33.8	64.2	
363	3854	318493	318690	198bp	gp: AL022121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3656c	47.5	84.8	
364	3855	318959	318546	414bp	gp:				
365	3856	318697	319014	318bp	gp:				
366	3857	318992	319336	345bp	gp:				
367	3858	321778	319337	2442bp	gp: Z95436	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3649	54.6	78.4	ATP-dependent helicases
368	3859	322008	322208	201bp	gp: AL023093	Mycobacterium leprae cspB	77.6	91.0	cold-shock protein
369	3860	322217	321993	225bp					

【0060】

【表14】

第1-14表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (72)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
370	3861	322275	322412	138bp	gp:				
371	3862	322911	325898	2988bp	gp: Z95436	Mycobacterium tuberculosis H37Rv topA	61.7	81.6	DNA topoisomerase I
372	3863	325905	326615	711bp	gp:				
373	3864	328840	326696	2145bp	gp: Z95436	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3645	42.1	72.4	transmembrane protein
374	3865	328284	329540	1257bp	gp: Z95436	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3644c	43.7	70.7	DNA polymerase III, delta and gamma subunit
375	3866	329753	329869	117bp	gp:				
376	3867	329749	329910	162bp	gp:				
377	3868	329934	330377	444bp	gp: X98546	D. nodosus gepA	30.3	56.0	
378	3869	330475	330380	96bp	gp:				
379	3870	330895	330987	93bp	gp:				
380	3871	330974	331534	561bp	gp:				
381	3872	331554	331261	294bp	gp:				
382	3873	331553	332434	882bp	gp: D90744	Escherichia coli ORF ID: o23544	43.6	65.0	
383	3874	332920	334563	1644bp	gp: U08606	Erwinia chrysanthemi beta-glucosidase gene	34.8	60.2	beta-glucosidase
384	3875	334550	334954	405bp	gp: AB009411	Bacillus sp. gene for beta-glucosidase	30.9	57.7	beta-glucosidase
385	3876	335004	336113	1110bp	gp: AL021925	Mycobacterium tuberculosis H37Rv adhE2	65.0	84.4	alcohol dehydrogenases
386	3877	336117	336749	633bp	gp: AL021925	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2260	56.7	81.7	
387	3878	336773	337450	678bp	gp: X86780	S. hygroscopicus gene cluster for polyketide immunosuppressant rapamycin	26.5	60.1	oxidoreductase
388	3879	337540	338769	1230bp	gp: U14003	E. coli o425	23.2	49.7	dehydratase
389	3880	338785	339726	942bp	gp: AL023093	Mycobacterium leprae MLC82548.27c	65.4	85.4	
390	3881	339760	339897	138bp	gp:				
391	3882	340570	340196	375bp	gp: Z95436	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3632	59.3	88.9	
392	3883	341403	340570	834bp	gp: Z95436	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3631			transferase
393	3884	341348	342376	1029bp	gp:				
394	3885	342415	343452	1038bp	gp: U61226	Leptospira interrogans orfE	25.6	57.1	
395	3886	343610	343521	90bp	gp:				
396	3887	343610	345718	2109bp	gp: X96983	B. subtilis yhcR	27.9	57.4	UDP-sugar hydrolase
397	3888	345976	345815	162bp	gp:				
398	3889	346461	346111	351bp	gp:				
399	3890	348020	346962	1059bp	gp: X92868	B. subtilis 23.9kb fragment from map position 233	56.0	78.0	

【0061】

【表15】

第1-15表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7ミ/酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
400	3891	348953	348099	855bp	gp: X60665	<i>S. enterica</i> rmlA	62.8	84.9	glucose-1-phosphate thymidyltransferase
401	3892	350311	348953	1359bp	gp: AF105113	<i>Streptococcus pneumoniae</i> Cps19AM	52.1	73.2	dTDP-4-keto-6- deoxyglucose-3,5- epimerase
402	3893	351471	350314	1158bp	gp: AF071085	<i>Enterococcus faecalis</i> strain OG1RF Orfde8	64.1	83.9	dTDP-glucose-4,6- dehydratase
403	3894	351949	351371	579bp	gp: X60110	<i>T. thermophilus</i> nox	35.4	61.2	NADH oxidase
404	3895	352694	353638	945bp	gp: Z99108	<i>Bacillus subtilis</i> yfiY	38.1	70.9	iron(III) dicitrate transport permease
405	3896	354388	353750	639bp	gp:				
406	3897	355907	354600	1308bp	gp: Z95436		37.4	68.3	membrane protein
407	3898	357229	355850	1380bp	gp: AL049587	<i>Streptomyces coelicolor</i> SCSF2A	34.1	62.5	metallopeptidase
408	3899	359355	357238	2118bp	gp: Z96796	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv0457c	46.1	72.2	peptidase
409	3900	360335	359763	573bp	gp:				
410	3901	360433	360618	186bp	gp:				
411	3902	361906	360815	1092bp	gp: Z70724	<i>S. lividans</i> ORF3	24.6	52.7	
412	3903	363236	362058	1179bp	gp: X66078	<i>C. glutamicum</i> cop1	27.2	56.4	secreted proteins
413	3904	363825	364949	1125bp	gp: U17898	<i>Pseudomonas solanacearum</i> eps8	27.6	56.2	transmembrane protein
414	3905	364949	365257	309bp	gp:				
415	3906	365232	365852	621bp	gp: U17898	<i>Pseudomonas solanacearum</i> epsp	29.2	52.1	required for EPS 1 production
416	3907	365855	366838	984bp	gp:				
417	3908	366832	368643	1812bp	gp: Z99121	<i>B. subtilis</i> yveM	34.6	65.4	
418	3909	368647	369801	1155bp	gp: AF125164	<i>Bacteroides fragilis</i> wcpP	48.7	74.5	aminotransferase
419	3910	369755	370405	651bp	gp: AJ243431	<i>Acinetobacter lwoffii</i> weeh	53.4	79.3	UDP-galactose phosphate transferase
420	3911	370595	371773	1179bp	gp: U10927	<i>Staphylococcus aureus</i> apM	33.4	69.2	
421	3912	371929	373419	1491bp	gp: U22511	<i>Xanthomonas campestris</i> gumJ	34.3	69.8	
422	3913	373500	374813	1314bp	gp: AE000578	<i>Helicobacter pylori</i> 26695 section 56 of 134	33.6	64.5	
423	3914	374833	375837	1005bp	gp: D90916	<i>Synechocystis</i> sp. PCC6803 ORF ID: slr1424	67.5	34.9	
424	3915	375842	376876	1035bp	gp: AB012956	<i>Vibrio cholerae</i> wbfo	31.0	60.2	glycosyl transferase
425	3916	377683	377832	150bp	gp:				
426	3917	378093	378227	135bp	gp:				
427	3918	378185	378511	327bp	gp: D17429	<i>Corynebacterium glutamicum</i> transposable element ISJ1831; ORF1	63.3	79.8	
428	3919	378562	378287	276bp	gp:				
429	3920	378593	378504	90bp	gp:				

【0062】

【表16】

第1-16表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7シ 酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
430	3921	379837	378668	1170bp	gp: Z95586	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1565c	28.0	57.4	membrane protein
431	3922	380842	379850	993bp	gp: U50396	Pseudomonas aeruginosa wbpC	36.2	63.8	
432	3923	381626	381531	96bp	gp:				
433	3924	381948	383108	1161bp	gp: U78086	Escherichia coli ugd	63.7	89.7	UDP-D-glucose dehydrogenase
434	3925	383768	383496	273bp	gp:				
435	3926	385190	383982	1209bp	gp:				
436	3927	386195	385374	822bp	gp: AF172324	Escherichia coli wdnA	32.1	65.0	glycosyl transferase
437	3928	386543	386454	90bp	gp:				
438	3929	386538	387200	663bp	gp: Z99121	B. subtilis yvfD	30.9	64.1	Z99121
439	3930	387657	387463	195bp	gp:				
440	3931	387692	389098	1407bp	gp: Y16642	Corynebacterium glutamicum lpd	100.0	100.0	dihydrolipoamide dehydrogenase
441	3932	389248	390168	921bp	gp: Z94752	Mycobacterium tuberculosis H37Rv galU	64.1	80.7	UDP-glucose-1-phosphate uridylyltransferase
442	3933	390161	390730	570bp	gp: AL096884	Streptomyces coelicolor SC4G6.27	44.3	69.5	transcriptional regulatory protein
443	3934	392208	390787	1422bp	gp: AL021933	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0465c	57.0	81.3	transcriptional regulator
444	3935	392331	392236	96bp	gp:				
445	3936	392357	392241	117bp	gp:				
446	3937	392597	393475	879bp	gp:				
447	3938	393495	395513	2019bp	gp: AE001660	Chlamydia pneumoniae section 76 of 103	34.0	62.0	succinate dehydrogenase subunit A
448	3939	395516	396262	747bp	gp: Y08563	B. macerans sdhB	27.5	56.2	succinate dehydrogenase subunit B
449	3940	396315	396650	336bp	gp:				
450	3941	396672	396932	261bp	gp:				
451	3942	397040	396411	630bp	gp:				
452	3943	397730	397825	96bp	gp:				
453	3944	398206	397232	975bp	gp:				
454	3945	398248	399579	1332bp	gp: AL021933	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0473	46.0	76.7	membrane protein
455	3946	399598	400017	420bp	gp:				
456	3947	400039	400341	303bp	gp:				
457	3948	400473	401150	678bp	gp:				
458	3949	401050	401253	204bp	gp:				
459	3950	401150	402796	1647bp	gp: AL035161	Streptomyces coelicolor SC9C7.19	43.9	74.9	efflux protein
460	3951	402799	404430	1632bp	gp: AL035161	Streptomyces coelicolor SC9C7.19	44.4	75.6	efflux protein
461	3952	405509	404508	1002bp	gp: AJ002571	Bacillus subtilis ykkE	44.9	76.0	formyltetrahydrofolate deformylase
462	3953	405474	406145	672bp	gp: Z77162	Mycobacterium tuberculosis H37Rv deoC	48.2	78.2	deoxyribose-phosphate aldolase
463	3954	406310	406161	150bp	gp:				
464	3955	406417	405521	897bp	gp:				
465	3956	406475	406317	159bp	gp:				

【0063】



【表17】

第1-17表

配列 番号 (塩 基配 列)	配列番 号(7ミ ン)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
466	3957	406550	407416	867bp	gp: AF002133	Mycobacterium avium strain G1R10	26.8	53.6	map346
467	3958	407708	407409	300bp	gp: Z97050	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0190	58.7	85.9	
468	3959	409975	407711	2265bp	gp: Z74410	Mycobacterium tuberculosis H37Rv ctpA	46.9	74.8	cation- transporting atpase
469	3960	410476	410027	450bp	gp:				
470	3961	410683	412545	1863bp	gp: AF071081	Mycobacterium tuberculosis proline-rich mucin homolog gene	40.4	26.7	
471	3962	412557	413633	1077bp	gp: AF109162	Corynebacterium diphtheriae hmuT	57.2	83.6	lipoprotein heme receptor
472	3963	413637	414710	1074bp	gp: AF109162	Corynebacterium diphtheriae hmuU	65.2	90.3	ABC-type transporter permease
473	3964	414714	415526	813bp	gp: AF109162	Corynebacterium diphtheriae hmuV	85.0	63.8	ATP-binding protein
474	3965	415643	416599	957bp	gp:				
475	3966	416603	417439	837bp	gp:				
476	3967	418354	417545	810bp	gp:				
477	3968	419253	418441	813bp	gp:				
478	3969	419757	419257	501bp	gp:				
479	3970	419236	420885	1650bp	gp: Z77162	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0482			udp-n- acetylenolpyruvoylg lucosamine reductase
480	3971	420866	421516	651bp	gp:				
481	3972	421842	421729	114bp	gp:				
482	3973	421858	422031	174bp	gp:				
483	3974	423793	422090	1704bp	gp: Z99118	Bacillus subtilis lcfA	35.5	68.1	fatty acid metabolism
484	3975	423872	425131	1260bp	gp: Z77162	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0486	51.5	76.9	
485	3976	425177	425920	744bp	gp: M83661	Streptomyces coelicolor pgm	70.7	84.2	phosphoglycerate mutase
486	3977	425934	427172	1239bp	gp: Y13627	Mycobacterium bovis BCG senX3	49.2	74.8	a sensor type molecule of a two- component signal transduction system
487	3978	427172	427867	696bp	gp: Z77162	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0491			response regulator protein
488	3979	428561	429439	879bp	gp:				
489	3980	432023	429438	2586bp	gp: AL021999	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0987	22.7	56.5	membrane protein
490	3981	433028	432126	903bp	gp: Z77162	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0495c	45.0	66.9	
491	3982	433062	433988	927bp	gp: U00018	Mycobacterium leprae B2168_C2_208	66.6	87.9	exopolyphosphatase
492	3983	434010	434822	813bp	gp: Z77162	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0497	28.8	57.3	membrane protein

【0064】

【表18】

第1-18表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7/10)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
493	3984	434986	433865	1122bp					
494	3985	434835	435695	861bp	gp: U31225	Corynebacterium glutamicum proC	100.0	100.0	L-proline:NADP+ 5-oxidoreductase
495	3986	435940	436137	198bp	gp: U00018	Mycobacterium leprae B2168_C1_172	76.4	94.6	
496	3987	436321	436103	219bp	gp:				
497	3988	436310	436444	135bp	gp:				
498	3989	436463	436561	99bp	gp: AL079345	Streptomyces coelicolor SCE68.25c	100.0	89.7	
499	3990	436573	436764	192bp	gp:				
500	3991	438044	436980	1065bp	gp: Z77162	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0505c	49.3	72.0	PHOSPHOSERINE PHOSPHATASE (SERB)
501	3992	438019	438171	153bp	gp:				
502	3993	438294	438037	258bp	gp:				
503	3994	438110	438424	315bp	gp: Z77162	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0508	40.5	66.2	
504	3995	438513	439904	1392bp	gp: Z77162	Mycobacterium tuberculosis H37Rv hemA	46.3	74.1	glutamyl-trna reductase
505	3996	439909	440814	906bp	gp: Z77162	Mycobacterium tuberculosis H37Rv hemC	52.5	76.9	porphobilinogen deaminase
506	3997	441220	441591	372bp	gp:				
507	3998	442482	441601	882bp	gp: AF009224	Acinetobacter sp. benM	27.1	57.6	LysR-type transcriptional activator
508	3999	442758	444158	1401bp	gp: D90837	E. coli o347#2	24.9	56.4	hemolysin
509	4000	444185	446038	1854bp	gp: U97357	Vibrio vulnificus vly			
510	4001	446075	446521	447bp	gp: AF124518	Corynebacterium glutamicum aroD	100.0	100.0	3-dehydroquinate dehydratase
511	4002	446379	447386	1008bp	gp: AF124518	Corynebacterium glutamicum aroE	98.2	98.6	shikimate dehydrogenase
512	4003	447670	447398	273bp	gp:				
513	4004	449179	448130	1050bp	gp: AP000062	Aeropyrum pernix	37.6	67.1	
514	4005	450826	449183	1644bp	gp: Z47200	Y. enterocolitica yfuB	26.0	56.1	
515	4006	451913	450837	1077bp	gp: AF030523	Sinorhizobium meliloti afuA	33.2	64.8	periplasmic iron-binding protein
516	4007	450849	451961	1113bp					
517	4008	452298	454430	2133bp	gp: Z83865	Mycobacterium tuberculosis H37Rv cysG	52.8	78.1	uroporphyrin-III C-methyltransferase
518	4009	454450	454875	426bp	gp:				
519	4010	454967	455983	1017bp	gp: AL079345	Streptomyces coelicolor hemB	83.4	60.8	delta-aminolevulinic acid dehydratase
520	4011	456016	456597	582bp	gp:				
521	4012	456641	457150	510bp	gp:				
522	4013	457267	459900	2634bp	gp: Z74410	Mycobacterium tuberculosis H37Rv ctpB	28.0	56.4	cation transport atpase
523	4014	459972	461093	1122bp	gp: AL023702	Streptomyces coelicolor hemE	55.0	76.7	uroporphyrinogen decarboxylase

【0065】

【表 19】

第 1-19 表

配列 番号 (塩 基配 列)	配列番 号(ミ ズ)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
524	4015	461112	462455	1344bp	gp: AL023517	Streptomyces coelicolor hemY	36.9	61.6	protoporphyrinogen oxidase
525	4016	462557	463867	1311bp	gp: Z95558	Mycobacterium tuberculosis H37Rv hemL	60.6	80.5	glutamate-1- semialdehyde 2,1- aminomutase
526	4017	463867	464472	606bp	gp: Z95558	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0525	47.8	71.1	
527	4018	464482	465102	621bp	gp: Z95558	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0526	44.7	71.2	
528	4019	465106	465909	804bp	gp: U00018	Mycobacterium leprae B2168_C1_192	52.0	86.9	cytochrome c-type biogenesis protein
529	4020	465949	467571	1623bp	gp: Z95558	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0528	50.7	76.0	membrane protein
530	4021	467648	468658	1011bp	gp: Z95558	Mycobacterium tuberculosis H37Rv ccsB	44.1	77.8	cytochrome c-type biogenesis protein
531	4022	469370	470170	801bp	gp: AL022121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3678c	38.9	69.4	transcriptional regulator
532	4023	470184	470654	471bp	gp: AL078610	Streptomyces coelicolor SCH35.28c	29.5	67.9	transcriptional regulator
533	4024	471013	470657	357bp	gp:				
534	4025	471420	471121	300bp	gp:				
535	4026	471497	471847	351bp	gp: Z95558	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0531	39.0	78.1	
536	4027	472808	471915	894bp	gp: Z95558	Mycobacterium tuberculosis H37Rv menA	55.9	86.4	1,4-dihydroxy-2- naphthoate octaprenyl
537	4028	472948	473811	864bp	gp: AF125164	Bacteroides fragilis 638R wcbB	32.4	62.6	glycosyltransferase
538	4029	474911	473814	1098bp	gp: Z95558	Mycobacterium tuberculosis H37Rv menE	42.7	66.7	o-succinylbenzoic acid-coa ligase
539	4030	475408	474998	411bp	gp: Z94723	Mycobacterium leprae MLC833.15c	35.4	75.4	
540	4031	477049	475490	1560bp	gp: M69158	Pseudomonas putida ketoglutarate semialdehyde dehydrogenase	50.4	76.0	ketoglutarate semialdehyde dehydrogenase
541	4032	477996	477049	948bp	gp: M69160	KGDH	48.5	75.6	5-keto-4- deoxyglucuronate dehydratase
542	4033	478974	478093	882bp	gp: D90801	E. coli o311:9	36.1	67.4	als operon regulatory protein
543	4034	479304	478990	315bp	gp: U15187	Mycobacterium leprae u296w	35.5	68.8	
544	4035	480202	479453	750bp	gp: AL031866	Yersinia pestis ORF45	31.3	60.7	
545	4036	480155	480598	444bp	gp:				
546	4037	480625	480209	417bp	gp:				
547	4038	481002	480625	378bp	gp:				
548	4039	481392	481132	261bp	gp:				

【0066】

【表20】

第1-20表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7シ 酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
549	4040	482777	481395	1383bp	gp: Z95558	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0545c	60.0	83.2	LOW-AFFINITY INORGANIC phosphate transporters
550	4041	483074	482943	132bp	gp:				
551	4042	483588	483367	222bp	gp:				
552	4043	485063	484107	957bp	gp: Z95558	Mycobacterium tuberculosis H37Rv menB	74.8	86.9	naphthoate synthase (ec 4.1.3.36)
553	4044	485386	485078	309bp	gp: AE000671	Aquifex aeolicus phnB	37.7	68.8	pterin-4a-carbinolamine dehydratase
554	4045	485199	485987	789bp	gp:				
555	4046	486002	487015	1014bp	gp: Z95558	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0553	54.0	76.7	o-succinylbenzoate-coa synthase or possible muconate cycloisomerase
556	4047	486912	488657	1746bp	gp: Z95558	Mycobacterium tuberculosis H37Rv menD			2-succinyl-6-hydroxy-2,4-cyclohexadiene-1-CARBOXYLATE SYNTHASE
557	4048	488661	489101	441bp	gp: Z95558	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0556	37.2	64.9	
558	4049	489210	490448	1239bp	gp: Z95558	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0557	49.5	75.7	
559	4050	490581	491939	1359bp	gp: U14003	e. coli ORF_0470	66.2	89.9	
560	4051	491967	492656	690bp	gp: Z95558	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0558	68.9	87.3	methyltransferase
561	4052	494097	492646	1452bp	gp: Z95558	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0561c	49.0	76.7	GERANYLGERANYL HYDROGENASE
562	4053	494086	493985	102bp	gp:				
563	4054	494062	495111	1050bp	gp: Z95558	Mycobacterium tuberculosis H37Rv grcC1	51.2	78.5	heptaprenyl diphosphate syntetase
564	4055	495421	495257	165bp	gp:				
565	4056	495770	495630	141bp	gp:				
566	4057	496612	496523	90bp	gp:				
567	4058	496811	497143	333bp	gp: Z92772	Mycobacterium tuberculosis H37Rv secE	35.0	57.3	
568	4059	497375	498328	954bp	gp: D32254	Streptomyces coelicolor nusG	40.8	70.7	
569	4060	498569	499033	465bp	gp: Z92772	Mycobacterium tuberculosis H37Rv rplK	85.4	91.0	50s ribosomal protein l11
570	4061	499163	499870	708bp	gp: Z92772	Mycobacterium tuberculosis H37Rv rplA	89.8	71.5	50s ribosomal protein l1
571	4062	501437	499926	1512bp	gp: AL109848	Streptomyces coelicolor SC151.18	23.4	50.9	transcriptional regulator
572	4063	501497	502921	1425bp	gp: AL031225	Streptomyces coelicolor gabT	61.1	83.0	4-aminobutyrate aminotransferase

【0067】

【表21】

第1-21表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7シ 酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
573	4064	502926	504284	1359bp	gp: Z99106	b. subtilis ycnH	43.4	72.1	succinate- semialdehyde dehydrogenase
574	4065	504326	505570	1245bp	gp: D90832	E. coli o341#7	25.5	49.9	
575	4066	505699	507648	1950bp	gp: AL109962	Streptomyces coelicolor SCJ1.13	40.9	72.4	cation-transporting ATPase
576	4067	507670	509082	1413bp	gp: Z95844	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1432	43.4	68.4	dehydrogenase
577	4068	509095	509697	603bp	gp:				
578	4069	509999	510511	513bp	gp: Z92772	Mycobacterium tuberculosis H37Rv rplJ	61.5	89.4	50s ribosomal protein l10
579	4070	510592	510975	384bp	gp: D16310	M. bovis rplL	72.3	89.2	ribosomal protein
580	4071	511127	510990	138bp	gp:				
581	4072	511462	512508	1047bp	gp: Z92669	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0227c	25.8	55.5	membrane protein
582	4073	512914	516408	3495bp	gp: Z95972	Mycobacterium tuberculosis H37Rv rpoB	76.3	91.3	dna-directed rna polymerase beta chain
583	4074	516468	520493	4026bp	gp: Z95972	Mycobacterium tuberculosis H37Rv rpoB	72.9	88.7	dna-directed rna polymerase beta chain
584	4075	520672	520851	180bp	gp:				
585	4076	520770	521645	876bp	gp: AL109972	Streptomyces coelicolor SCJ9A.15c	39.2	63.8	DNA-binding protein
586	4077	522477	521680	798bp	gp: AL035500	Mycobacterium leprae MLC8373.19	30.4	57.6	
587	4078	522695	523060	366bp	gp: L34681	Mycobacterium smegmatis rpsL	90.9	97.5	ribosomal protein S12
588	4079	523070	523534	465bp	gp: L34681	Mycobacterium smegmatis rpsG	81.8	94.8	
589	4080	523885	526011	2127bp	gp: AL021943	Mycobacterium tuberculosis H37Rv fusA	71.3	90.9	elongation factor G
590	4081	526071	523912	2160bp	gp:				
591	4082	526377	527564	1188bp	gp: X77034	C. glutamicum tuf	100.0	100.0	elongation factor Tu
592	4083	527760	527608	153bp	gp:				
593	4084	528041	528769	729bp	gp:				
594	4085	529571	528780	792bp	gp: AL109848	Streptomyces coelicolor SC151.25c	60.9	86.1	iron-siderophore uptake system ATP- binding component
595	4086	530756	529593	1164bp	gp: AF082879	Yersinia enterocolitica fepG	51.1	81.7	permease; integral membrane protein
596	4087	531792	530749	1044bp	gp: AL109848	Streptomyces coelicolor SC151.27c	49.1	80.2	iron-siderophore uptake system transmembrane component
597	4088	531999	532100	102bp	gp:				
598	4089	532093	531953	141bp	gp:				
599	4090	532009	532524	516bp	gp: Z69031	C. thermosaccharolyt icum actA	79.3	56.6	
600	4091	533064	533402	339bp	gp: Z14314	M. leprae rpsJ	96.0	100.0	ribosomal protein S10

【0068】

【表 22】

第 1-22 表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7シ 酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
601	4092	533438	534091	654bp	gp: Z98756	Mycobacterium leprae rplC	65.6	91.0	ribosomal protein L3
602	4093	534088	533402	687bp	gp:				
603	4094	534091	534744	654bp	gp: Z84395	Mycobacterium tuberculosis H37Rv rplD	71.2	90.1	50s ribosomal protein L4
604	4095	534747	535049	303bp	gp: Y13228	Mycobacterium bovis BCG rplW	74.0	90.6	50S ribosomal protein L23
605	4096	535073	534747	327bp	gp:				
606	4097	535077	535916	840bp	gp: Z84395	Mycobacterium tuberculosis H37Rv rplB	81.4	93.2	50s ribosomal protein L2
607	4098	535936	536211	276bp	gp: Y13228	Mycobacterium bovis BCG rpsS	87.0	98.9	30S ribosomal protein S19
608	4099	536184	535900	285bp	gp:				
609	4100	536218	536577	360bp	gp: Y13227	Mycobacterium smegmatis rplV	72.7	90.6	50S ribosomal protein L22
610	4101	536580	537323	744bp	gp: Z84395	Mycobacterium tuberculosis H37Rv rpsC	77.8	91.2	30s ribosomal protein s3
611	4102	537329	537742	414bp	gp: Z98756	Mycobacterium leprae rplP	71.5	89.1	50S ribosomal protein L16
612	4103	537745	537972	228bp	gp: Z98756	Mycobacterium leprae rpmC	69.9	90.4	50S ribosomal protein L29
613	4104	537978	538253	276bp	gp: Y13228	Mycobacterium bovis BCG rpsQ	69.5	89.0	30s ribosomal protein s17
614	4105	538268	537975	294bp	gp:				
615	4106	538699	538382	318bp	gp:				
616	4107	539414	538719	696bp	gp:				
617	4108	539691	540107	417bp	gp: Z84395	Mycobacterium tuberculosis H37Rv rplN	83.6	95.1	50s ribosomal protein L14
618	4109	540113	540424	312bp	gp: Z84395	Mycobacterium tuberculosis H37Rv rplX	76.2	91.4	ribosomal protein L24
619	4110	540427	540999	573bp	gp: X17524	M. luteus rplE	73.6	92.3	50s ribosomal protein L5
620	4111	541049	542080	1032bp	gp: X92765	S. diastatochromogen es estA	22.5	50.6	secreted hydrolase
621	4112	542897	542091	807bp	gp: AF157493	Zymomonas mobilis ZM4 dkg	53.2	78.1	2,5-diketo-D- gluconate reductase
622	4113	543413	542922	492bp	gp:				
623	4114	544330	543416	915bp	gp: AL034443	Streptomyces coelicolor SC485.08c	43.0	72.8	associated with oxidoreductase activity
624	4115	544671	544336	336bp	gp: AL096822	Streptomyces coelicolor SCGD3.29c	37.2	68.1	molybdopterin- guanine dinucleotide biosynthesis protein
625	4116	547043	544758	2286bp	gp: AL109732	Streptomyces coelicolor SC7H2.18	52.4	79.2	formate dehydrogenase
626	4117	547330	548085	756bp	gp:				
627	4118	548991	548188	804bp	gp:				

【0069】

【表23】

第1-23表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7nt/酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
628	4119	550697	548991	1707bp	gp: AEO00829	Methanobacterium thermoautotrophicum MTH454	32.2	60.0	Function Code:12.02 - Cell Processes. Transport of carbohydrates organic acids alcohols and lipids
629	4120	551845	550700	1146bp	gp:				
630	4121	552928	551855	1074bp	gp:				
631	4122	554130	552949	1182bp	gp: AEO01008	Archaeoglobus fulgidus section 99 of 172	24.7	50.4	
632	4123	554974	554453	522bp	gp:				
633	4124	555332	555727	396bp	gp: Z84395	Mycobacterium tuberculosis H37Rv rpsH	77.3	96.2	ribosomal protein s8
634	4125	555750	556283	534bp	gp: Z84395	Mycobacterium tuberculosis H37Rv rplF	76.0	92.2	50s ribosomal protein l6
635	4126	556290	556691	402bp	gp: Z84395	Mycobacterium tuberculosis H37Rv rplR	65.6	90.2	50s ribosomal protein l18
636	4127	556735	557367	633bp	gp: Z84395	Mycobacterium tuberculosis H37Rv rpsE	71.9	90.2	30s ribosomal protein s5
637	4128	557374	557556	183bp	gp: Z98756	Mycobacterium leprae rpmD	55.9	89.8	50S ribosomal protein L30
638	4129	557589	556861	729bp	gp:				
639	4130	557566	558009	444bp	gp: Z84395	Mycobacterium leprae rplO	66.9	89.4	50s ribosomal protein l15
640	4131	558518	558198	321bp	gp: L48550	Streptomyces coelicolor msdA	46.9	68.8	methylmalonic acid semialdehyde dehydrogenase
641	4132	558970	558608	363bp					
642	4133	560776	559145	1632bp	gp: AFD060871	Rhodococcus rhodochrous plasmid pRTL1 orf5	41.7	71.5	aldehyde dehydrogenase precursor
643	4134	561369	560635	735bp	gp:				
644	4135	562634	561369	1266bp	gp: AJ002606	Sphingomonas sp. RW1 reductase RedA2 gene	41.1	71.6	
645	4136	562633	562938	306bp					
646	4137	562964	562647	318bp	gp: Y11304	R. capsulatus fdxE	47.7	66.4	ferredoxin
647	4138	563752	562994	759bp	gp: U24215	Pseudomonas putida cymB	35.8	70.8	p-cumic alcohol dehydrogenase
648	4139	565637	563733	1905bp	gp: Z99122	Bacillus subtilis yvkC	22.3	50.2	pyruvate, water dikinase
649	4140	565609	565707	99bp	gp:				
650	4141	566772	565681	1092bp	gp: AEO00882	Methanobacterium thermoautotrophicum MTH1118	46.8	75.1	phosphoenolpyruvate synthase
651	4142	568089	566800	1290bp	gp: U17130	Rhodococcus erythropolis thcB	34.8	65.2	degradation of thiocarbamate herbicides
652	4143	569076	568273	804bp	gp: AL031107	Streptomyces coelicolor SCSA7.19c	35.3	64.0	transcriptional regulator
653	4144	569453	570772	1320bp	gp: D14162	Brevibacterium flavum secY	99.8	100.0	preprotein translocase

【0070】

【表24】

第1-24表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7シ酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
654	4145	570775	571317	543bp	gp: AL021958	Mycobacterium tuberculosis H37Rv adk	58.0	87.3	adenylate kinase
655	4146	571368	570757	612bp	gp:				
656	4147	571477	572268	792bp	gp: AL021958	Mycobacterium tuberculosis H37Rv map	60.0	82.8	methionine amino peptidase
657	4148	572350	573177	828bp	gp:				
658	4149	573282	573623	342bp	gp: U15140	Mycobacterium bovis infA	92.9	100.0	translation initiation factor IF-1
659	4150	573757	574182	426bp	gp: AL049491		79.5	94.3	30S ribosomal protein S13
660	4151	574188	574589	402bp	gp: AL031317	Streptomyces coelicolor rpsK	81.3	93.3	30S ribosomal protein S11
661	4152	574616	575218	603bp	gp: AL049491	Mycobacterium leprae rpsD	74.6	90.1	30S ribosomal protein S4
662	4153	575367	575212	156bp					
663	4154	575339	576352	1014bp	gp: Z95390	Mycobacterium tuberculosis H37Rv rpoA	74.0	91.5	alpha subunit of RNA polymerase
664	4155	576411	576899	489bp	gp: AL049491	Mycobacterium leprae rplQ	61.0	79.9	50S ribosomal protein L17
665	4156	577043	577924	882bp	gp: Z95390	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3455c	51.2	71.1	pseudouridylate synthase
666	4157	578034	580430	2397bp	gp: Z80343	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3779	24.8	51.2	membrane protein
667	4158	580892	580437	456bp	gp:				
668	4159	581222	580920	303bp	gp:				
669	4160	581407	582663	1257bp	gp: AL021930	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0283	27.4	53.8	
670	4161	582685	584229	1545bp	gp: AL022121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3719	57.8	77.5	
671	4162	584269	585621	1353bp	gp: AL022121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3720	55.0	77.6	
672	4163	585824	586249	426bp					
673	4164	587758	586400	1359bp	gp: Z95390	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3449	32.9	56.4	precursor of serine protease
674	4165	589025	587646	1380bp	gp: AL031231	Streptomyces coelicolor SC3C3.21	24.0	50.6	integral membrane protein
675	4166	589240	592863	3624bp	gp: Z95389	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3447c	65.0	38.4	membrane protein
676	4167	592863	593762	900bp	gp: Z95389	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3446c	21.9	44.5	
677	4168	593936	594259	324bp	gp: Z95389	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3445c	31.1	69.9	
678	4169	594294	594581	288bp	gp: Z95389	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3444c	38.7	73.1	

【0071】



【表25】

第1-25表

配列 番号 (塩 基配 列)	配列番 号 (73/ 酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
679	4170	594607	594708	102bp	gp:				
680	4171	594829	595380	552bp	gp: Z95389	Mycobacterium tuberculosis H37Rv rplM	61.4	84.8	50S ribosomal protein L13
681	4172	595383	595928	546bp	gp: Z95389	Mycobacterium tuberculosis H37Rv rpsL	69.3	82.9	30S ribosomal protein s9
682	4173	596023	597450	1428bp	gp: Z95389	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3441c	63.4	84.2	phosphoglucosyltransferase
683	4174	598004	597912	93bp	gp:				
684	4175	597893	598195	303bp	gp:				
685	4176	599351	598779	573bp	gp:				
686	4177	598195	599703	1509bp	gp: D90903	Synechocystis sp. PCC6803 ORF ID: slr1753	29.3	45.6	
687	4178	599700	599933	234bp	gp:				
688	4179	600877	600023	855bp	gp: U00020	Mycobacterium leprae B229 F1_20	44.0	72.2	
689	4180	600972	602054	1083bp	gp: U70872	Mycobacterium smegmatis Alr	44.5	69.4	D-alanine racemase
690	4181	602081	602575	495bp	gp: Z77165	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3422c	48.7	78.6	
691	4182	602812	604410	1599bp	gp: L10328	E. coli f561	28.9	66.2	
692	4183	604429	605709	1281bp	gp: AJ001361	Propionibacterium shermanii pip	51.3	77.6	proline iminopeptidase
693	4184	605719	606393	675bp	gp: Z77165	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3421c	52.2	75.4	
694	4185	606393	606899	507bp	gp: Z77165	Mycobacterium tuberculosis H37Rv rlmI	48.0	72.7	30S Ribosomal protein S18 alanine acetyltransferase; B229 C1_170
695	4186	606906	607937	1032bp	gp: Z77165	Mycobacterium tuberculosis H37Rv gcp	64.7	84.8	Glycoprotease
696	4187	607959	609680	1722bp	gp: Z95389	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3433c	38.4	59.4	
697	4188	609748	610176	429bp	gp:				
698	4189	610269	609817	453bp	gp:				
699	4190	610334	610645	312bp	gp: AF071828	Mycobacterium avium subsp. groES	77.0	95.0	heat shock protein
700	4191	610660	612273	1614bp	gp:				
701	4192	612721	612419	303bp	gp: AF073300	Mycobacterium smegmatis whiB3	64.9	88.3	regulatory protein
702	4193	613157	613720	564bp	gp: Z77165	Mycobacterium tuberculosis H37Rv sigD	55.2	81.6	rna polymerase sigma factor
703	4194	613723	614748	1026bp	gp:				
704	4195	615223	614804	420bp	gp: U00015	Mycobacterium leprae B1620_F3_131	41.4	69.8	
705	4196	615304	616854	1551bp	gp: Z77165	Mycobacterium tuberculosis H37Rv guaB2	69.5	89.1	inosine-5'-monophosphate dehydrogenase

【0072】

【表26】

第1-26表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7シ 酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
706	4197	616974	618095	1122bp	gp: U00015	Mycobacterium leprae B1620_C2_193	60.0	85.9	Inosine-5'- monophosphate dehydrogenase
707	4198	619014	618094	921bp	gp: D90718	Escherichia coli o206s5	38.3	67.9	
708	4199	619087	619995	909bp	gp: Z99113	Bacillus subtilis gluC	28.5	58.6	positive regulation of the glutamate synthase operon
709	4200	620005	621573	1569bp	gp: Y10499	B. ammoniagenes guaA	81.6	92.8	gmp synthase
710	4201	621718	622158	441bp	gp:				
711	4202	622270	622458	189bp	gp:				
712	4203	623636	622461	1176bp	gp:				
713	4204	623672	624940	1269bp	gp: AL109661	Streptomyces coelicolor SC6E10.15c	26.8	48.7	two-component system sensor kinase
714	4205	624944	625675	732bp	gp: AL109661	Streptomyces coelicolor SC6E10.14c	37.8	62.6	two-component system regulator
715	4206	625678	626001	324bp	gp:				
716	4207	626559	626071	489bp	gp:				
717	4208	627540	626578	963bp	gp:				
718	4209	627716	627597	120bp	gp:				
719	4210	627728	628552	825bp	gp: AL009198	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3395c	30.9	64.2	
720	4211	628552	630141	1590bp	gp: AL009198	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3394c	37.5	64.1	
721	4212	630811	630152	660bp	gp:				
722	4213	630950	631810	861bp	gp: AL022374	Streptomyces coelicolor SC5B8.20c	33.8	62.9	
723	4214	632153	632248	96bp	gp:				
724	4215	632685	631825	861bp	gp: AE000934	Methanobacterium thermoautotrophicum MTH1809	26.9	57.2	
725	4216	633080	632691	390bp	gp:				
726	4217	633526	633080	447bp	gp:				
727	4218	635180	633624	1557bp	gp: AE000934	Methanobacterium thermoautotrophicum MTH1807	39.3	68.9	phytoene dehydrogenase
728	4219	636139	635180	960bp	gp: U92075	Mycobacterium marinum crtB	29.3	51.1	phytoene synthase
729	4220	638289	636091	2199bp	gp: AL096837	Streptomyces coelicolor SCF43A.29c	48.6	75.6	transmembrane transport protein
730	4221	638916	639008	93bp	gp:				
731	4222	639464	638319	1146bp	gp: X95596	S. griseus crt cluster	29.6	54.7	GGPP synthase
732	4223	639617	640210	594bp	gp:				
733	4224	640881	640234	648bp	gp: U21727	Citrobacter freundii blc	33.1	62.1	lipocalin precursor
734	4225	640949	642559	1611bp	gp: AL096837	Streptomyces coelicolor SCF43A.31	43.7	69.3	oxidoreductase
735	4226	644003	642558	1446bp	gp: M24544	H. halobium phr	32.4	54.2	photolyase (EC 4.1.99.3)
736	4227	643988	644077	90bp	gp:				

【0073】

【表 27】

第 1-27 表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7ミ/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
737	4228	644010	644780	771bp	gp: AF118389	Streptococcus suis cps2K	26.0	53.4	glycosyltransferase
738	4229	644985	645107	123bp	gp:				
739	4230	647592	645178	2415bp	gp: AL021999	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0987	21.0	50.4	integral membrane protein
740	4231	648311	647595	717bp	gp: AL096837	Streptomyces coelicolor SCF43A.08	39.0	72.0	ABC transporter ATP-binding protein
741	4232	648469	648317	153bp	gp:				
742	4233	649116	648442	675bp	gp: AF102556	Salmonella enteritidis sfbC	44.2	76.9	cytoplasmic permease
743	4234	650246	649116	1131bp	gp: Z99120	Bacillus subtilis yusC	43.6	75.4	ABC transporter (ATP-binding protein)
744	4235	651350	650394	957bp	gp: D15061	E. coli ORF271	30.4	65.9	
745	4236	651450	654614	3165bp	gp: AL009198	Mycobacterium tuberculosis H37Rv dnaE	53.0	75.4	DNA polymerase III alpha chain
746	4237	654627	655124	498bp	gp: AL049630	Streptomyces coelicolor SCE126.11	41.5	62.3	
747	4238	655124	656536	1413bp	gp: AL049841	Streptomyces coelicolor SCE9.01	26.1	56.0	
748	4239	656549	657217	669bp	gp: AL008967	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2788	50.3	76.4	transcriptional repressor
749	4240	658025	657207	819bp	gp:				
750	4241	658007	658144	138bp	gp:				
751	4242	658157	658930	774bp	gp: Z95584	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1151c	50.0	76.3	regulatory proteins
752	4243	659341	659234	108bp	gp:				
753	4244	658935	659426	492bp	gp: AL049863	Streptomyces coelicolor SCSH1.34	32.4	67.7	iron-siderophore binding lipoprotein
754	4245	659545	660540	996bp	gp: AL109974	Streptomyces coelicolor SCF34.13c	32.4	67.7	
755	4246	661122	660652	471bp	gp: AL009198	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3366	62.9	86.1	rRNA methylase
756	4247	661021	662019	999bp	gp: AL009198	Mycobacterium tuberculosis H37Rv fadD	70.9	87.4	methylenetetrahydrofolate dehydrogenase
757	4248	662029	662376	348bp	gp: Z98271	Mycobacterium leprae MLCB1779.16c	31.3	76.3	
758	4249	663763	662384	1380bp	gp: AL079348	Streptomyces coelicolor SC66T3.18c	34.0	63.2	membrane protein
759	4250	665090	664128	963bp	gp:				
760	4251	666315	665185	1131bp	gp: AF052652	Corynebacterium glutamicum metA	99.5	99.5	homoserine O-acetyltransferase
761	4252	667772	666462	1311bp	gp: AL021841	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3340	59.3	82.3	homocysteine synthase (EC 4.2.99.10)
762	4253	668026	670467	2442bp	gp: Z83866	Mycobacterium tuberculosis H37Rv cstA	61.9	86.1	starvation-induced stress response protein

【0074】

【表28】

第1-28表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (73/酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
763	4254	670474	670674	201bp					
764	4255	671702	672655	954bp	gp: Z95585	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1130	71.0	86.4	
765	4256	672658	673578	921bp	gp: AP000058	Aeropyrum pernix APE0253	46.0	74.0	
766	4257	673641	672712	930bp					
767	4258	673610	674758	1149bp	gp: X60513	M. smegmatis gltA	56.1	81.3	citrate synthase
768	4259	674992	674801	192bp	gp:				
769	4260	676184	675084	1101bp	gp: X51714	Methanothermus fervidus L-malate dehydrogenase gene	37.6	67.5	L-malate dehydrogenase
770	4261	676939	676220	720bp	gp: AL096822	Streptomyces coelicolor SCGD3.11c	31.2	63.4	gntR-family transcriptional regulator
771	4262	677750	677049	702bp					
772	4263	680046	677833	2214bp	gp: X71489	C. glutamicum icd	100.0	100.0	monomeric isocitrate dehydrogenase
773	4264	681029	680133	897bp	gp: Z74024	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2895c	30.9	57.1	
774	4265	681848	681042	807bp	gp: AF176902	Corynebacterium diphtheriae irp1D	55.4	85.1	ABC transporter ATP-binding protein
775	4266	682906	681848	1059bp	gp: AF176902	Corynebacterium diphtheriae irp1C	56.3	86.4	ABC transporter membrane protein
776	4267	683868	682873	996bp	gp: AF176902	Corynebacterium diphtheriae irp1B	63.0	88.2	ABC transporter membrane protein
777	4268	684927	683878	1050bp	gp: U02617	Corynebacterium diphtheriae irp1	53.1	82.3	iron-regulated lipoprotein precursor
778	4269	685111	686382	1272bp	gp: AL049826	Streptomyces coelicolor SCH24.37	40.5	76.2	transmembrane efflux protein
779	4270	686392	687348	957bp	gp: U38241	Pseudomonas aeruginosa crc	30.4	58.1	catabolite repression control protein
780	4271	687353	688009	657bp	gp: U32804	Haemophilus influenzae Rd HI1240	56.2	85.8	
781	4272	688143	688337	195bp	gp:				
782	4273	689892	688918	975bp	gp:				
783	4274	690698	689919	780bp	gp: AF109162	Corynebacterium diphtheriae hnuV	45.1	73.8	ATP-binding protein
784	4275	691724	690708	1017bp	gp: X77867	Y. enterocolitica hnuJ	38.7	69.1	ABC-type transporter permease
785	4276	691884	692918	1035bp	gp: AL021841	Mycobacterium tuberculosis H37Rv trpS	62.2	84.1	tryptophanyl tRNA synthetase
786	4277	693030	694112	1083bp	gp: AL021841	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3335c	36.5	74.7	
787	4278	694174	695076	903bp	gp:				
788	4279	696386	695079	1308bp	gp: AL021841	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3330	47.7	72.6	penicillin-binding protein

【0075】

【表29】

第1-29表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7ミ/酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
789	4280	697997	696771	1227bp	gp: AL021841	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3311	34.1	70.7	
790	4281	698924	698067	858bp	gp: AL049497	Streptomyces coelicolor SC610.08c			secreted protein
791	4282	699074	699268	195bp	gp:				
792	4283	699274	698924	351bp	gp:				
793	4284	699283	699915	633bp	gp: AL021841	Mycobacterium tuberculosis H37Rv upp	58.0	84.5	
794	4285	700000	700383	384bp	gp:				
795	4286	702110	700386	1725bp	gp: U00022	Mycobacterium leprae L308_F1_13	39.7	64.4	phosphomannomutase
796	4287	702080	703264	1185bp	gp: AL021841	Mycobacterium tuberculosis H37Rv amiA	51.4	80.5	N-acyl-L-amino acid amidohydrolase or peptidase
797	4288	703407	704813	1407bp	gp: AL021841	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3303c	64.1	83.9	dihydrolipoamide dehydrogenase
798	4289	705162	708632	3471bp	gp: Y09548	Corynebacterium glutamicum pyc	99.9	100.0	pyruvate carboxylase
799	4290	708841	709710	870bp	gp: Z73902	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1324	26.2	60.1	thioredoxins
800	4291	709795	710280	486bp	gp: AJ222587	Bacillus subtilis ykwd	31.8	60.8	
801	4292	711661	710522	1140bp	gp: Z99105	Bacillus subtilis yciC	44.6	69.0	
802	4293	711726	712649	924bp	gp: AB011836	Bacillus halodurans C-125 clone ALBAC003	27.5	63.4	
803	4294	712740	714233	1494bp	gp: Z95585	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1130	68.9	87.5	
804	4295	714233	715147	915bp	gp: AP000058	Aeropyrum pernix APE0222	50.6	76.6	
805	4296	715071	716285	1215bp	gp: Z95585	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	54.3	76.8	citrate synthase
806	4297	716662	716288	375bp	gp:				
807	4298	717949	718050	102bp	gp:				
808	4299	718011	716689	1323bp	gp: Z95585	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1129c	40.8	72.6	
809	4300	718107	718352	246bp	gp:				
810	4301	720354	718582	1773bp	gp: U35023	Corynebacterium glutamicum accBC	99.8	100.0	acyl coenzyme A carboxylase
811	4302	721451	720549	903bp	gp: U35023	Corynebacterium glutamicum thtR	100.0	100.0	thiosulfate sulfurtransferase
812	4303	721676	721551	126bp	gp:				
813	4304	721779	722843	1065bp	gp:				
814	4305	723340	722927	414bp	gp: AL023514	Mycobacterium leprae MLC84_27c	51.1	76.7	
815	4306	723408	725561	2154bp	gp: Z95586	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1565c	35.1	63.4	membrane protein
816	4307	726464	725874	591bp	gp: D90914	Synechocystis sp. PCC6803 sl10905	43.3	73.2	

【0076】

【表 30】

第 1-30 表

配列番号 (短基配列)	配列番号 (7/酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
817	4308	726717	726772	246bp	gp:				
818	4309	728354	726744	1611bp	gp: AB018531	Corynebacterium glutamicum dtsR2	99.8	100.0	
819	4310	730326	728698	1629bp	gp: AB018530	Corynebacterium glutamicum dtsR1	99.6	100.0	
820	4311	730311	730415	105bp	gp:				
821	4312	730438	731301	864bp	gp: Z92771	Mycobacterium tuberculosis H37Rv bira	40.7	65.9	bira bifunctional protein (biotin operon repressor)
822	4313	731314	731799	486bp	gp: Z92771	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3278c	23.0	58.8	
823	4314	731823	733019	1197bp	gp: X91189	B. ammoniagenes purK	69.0	83.8	5'-phosphoribosyl- 5-amino-4-imidasol carboxylase
824	4315	733062	734945	1884bp	gp: X68551	E. coli kup	41.1	73.6	integral membrane protein
825	4316	734986	735342	357bp	gp:				
826	4317	735429	735133	297bp	gp:				
827	4318	735404	735898	495bp	gp: X91189	B. ammoniagenes purE			5'-phosphoribosyl- 5-amino-4-imidasol carboxylase
828	4319	735901	736353	453bp	gp: U33059	Actinosynnema pretiosum GdmH	36.2	60.5	
829	4320	736348	736244	105bp	gp:				
830	4321	736415	737206	792bp	gp: AL096837	Streptomyces coelicolor SCF43A.36	42.8	70.6	
831	4322	738624	737218	1407bp	gp: Z99124	Bacillus subtilis yxeK	43.2	73.0	
832	4323	740174	738675	1500bp	gp: AE001007	Archaeoglobus fulgidus AF1410	23.4	52.5	ISA0953-5, putative transposase
833	4324	741018	740230	789bp	gp: AE001722	Thermotoga maritima TM0441	33.1	66.2	short-chain oxidoreductases
834	4325	741399	741767	369bp	gp:				
835	4326	741856	742197	342bp	gp:				
836	4327	742386	741820	567bp	gp: Z49782	B. subtilis ywjB	28.6	66.3	
837	4328	742390	742830	441bp	gp: AL109972	Streptomyces coelicolor SCJ9A.21	35.9	76.8	
838	4329	743054	742833	222bp	gp:				
839	4330	743902	743069	834bp	gp: AL021006	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1237	48.4	76.6	sugar (e.g. maltose) transport protein
840	4331	744933	743902	1032bp	gp: AF175299	Sinorhizobium meliloti thuF	44.9	73.3	inner membrane permease
841	4332	745515	745048	468bp	gp:				
842	4333	746895	745624	1272bp	gp: AF012836	Thermococcus litoralis malE	30.9	62.4	trehalose/maltose binding protein
843	4334	748028	747033	996bp	gp: Y08921	S. reticuli gene msk	57.2	73.9	ATP binding protein
844	4335	748321	748193	129bp	gp:				
845	4336	748022	748444	423bp	gp:				
846	4337	748448	748816	369bp	gp:				
847	4338	753687	748888	4800bp	gp: AE000833	Methanobacterium thermoautotrophicum MTH492	23.8	46.5	ATP-dependent RNA helicase, eIF-4A family
848	4339	756488	756598	111bp	gp:				
849	4340	757397	753699	3699bp	gp:				

【0077】

【表31】

第1-31表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7シフト)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
850	4341	758282	757632	651bp	gp: Z92771	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3268	31.7	59.2	
851	4342	758792	758896	105bp	gp:				
852	4343	760798	758366	2433bp	gp: AE001480	Helicobacter pylori jhp0462	30.0	62.5	
853	4344	763205	760908	2298bp	gp: D00069	Escherichia coli uvrD	20.7	41.1	helicase II
854	4345	769538	763239	6300bp	gp: AL035636	Streptomyces coelicolor SCH5.13	21.9	44.9	helicase
855	4346	774144	769549	4596bp	gp: AF016485	Halobacterium sp. NRC-1 plasmid pNRC100 ORF H1130	24.4	53.2	
856	4347	777037	774152	2886bp	gp: AF016485	Halobacterium sp. NRC-1 plasmid pNRC100 ORF H1186	23.6	50.3	
857	4348	777185	777051	135bp					
858	4349	778713	777160	1554bp	gp: Z92771	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3267	45.5	71.4	
859	4350	778971	779912	942bp	gp: Z92771	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3265c	51.4	74.3	
860	4351	780088	781173	1086bp	gp: Z92771	Mycobacterium tuberculosis H37Rv rfbF	70.3	87.5	transferase
861	4352	781437	781877	441bp	gp: AF164439	Mycobacterium smegmatis whmD	73.4	81.9	regulatory protein
862	4353	782619	782164	456bp	gp: AL021840	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3259	48.9	74.8	
863	4354	782714	783103	390bp	gp: AL021840	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3258c	45.1	56.2	
864	4355	783186	784559	1374bp	gp: Z95121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3257c	63.4	84.4	phosphomannomutase (EC 5.4.2.8)
865	4356	784601	785641	1041bp	gp: Z95121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3256c	31.2	56.3	
866	4357	785645	786826	1182bp	gp: Z95121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3255c	47.8	72.8	mannose-6-phosphate isomerase
867	4358	786898	787047	150bp	gp:				
868	4359	787176	787277	102bp	gp:				
869	4360	787954	787172	783bp	gp: AF007787	Enterococcus faecalis plasmid pAM-beta-1 orfC			
870	4361	788198	788548	351bp	gp:				
871	4362	788581	790095	1515bp	gp: Z95121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv sahH	74.1	90.1	adenosylhomocysteinase has S-adenosyl-L-homocysteine hydrolase signature
872	4363	790098	790706	609bp	gp: Z95121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3247c	53.4	75.5	

【0078】

【表 3 2】

第 1-32 表

配列 番号 (塩 基配 列)	配列番 号(7/ 酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
873	4364	790734	791411	678bp	gp: U01971	Mycobacterium tuberculosis H37Rv mtrA	73.7	90.6	response regulator, transcriptional activator
874	4365	791423	790740	684bp	gp:				
875	4366	791514	793010	1497bp	gp: Z95121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv mtrB			sensor-like histidine kinase
876	4367	794509	794613	105bp	gp:				
877	4368	792992	794713	1722bp	gp: Z95121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3244c			lipoprotein
878	4369	794659	795303	645bp	gp: Z95121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3242c	38.0	72.8	
879	4370	795449	795294	156bp					
880	4371	795450	796112	663bp	gp: Z95121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3241c	48.8	74.9	
881	4372	796252	798786	2535bp	gp: U66081	Mycobacterium smegmatis SecA	70.7	88.3	preprotein translocase subunit, component of secretion apparatus
882	4373	799022	799693	672bp	gp:				
883	4374	799699	800202	504bp	gp: Z95121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3231c	47.1	78.8	
884	4375	801220	800210	1011bp	gp: Z95121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3228	64.6	82.9	
885	4376	802604	801192	1413bp	gp: AF114233	Corynebacterium glutamicum aroA	99.8	99.8	5-enolpyruvylshikimate 3-phosphate synthase
886	4377	802651	803130	480bp	gp: Z95121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3226c			
887	4378	803779	803880	102bp	gp:				
888	4379	804242	803133	1110bp	gp: Z97991	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0336	21.6	42.4	
889	4380	804410	805027	618bp	gp: Z95120	Mycobacterium tuberculosis H37Rv sigH Rv3226c	68.5	90.1	RNA polymerase sigma factor
890	4381	805860	805537	324bp	gp: Z95120	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3219	78.6	96.4	regulatory protein
891	4382	806320	806739	420bp	gp: Z95120	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3217c	33.3	65.1	membrane protein
892	4383	807941	806742	1200bp	gp: Z95120	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3212	29.6	62.2	
893	4384	809219	807948	1272bp	gp: Z95120	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3211	57.0	77.4	
894	4385	809288	809512	225bp	gp:				

【0079】



【表33】

第1-33表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (731 酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
895	4386	809530	810396	867bp	gp: Z95120	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3207c	46.4	69.8	
896	4387	810407	811165	759bp	gp: Z95120	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3205c	37.0	65.9	
897	4388	811172	814219	3048bp	gp: AL021646	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3202c	36.3	61.4	
898	4389	814206	817424	3219bp	gp: AL021646	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3201c	41.4	65.7	ATP-dependent DNA helicase
899	4390	817467	818525	1059bp	gp: AL021646	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3200c	60.4	86.5	potassium channels
900	4391	818525	819238	714bp	gp: AL021646	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3199c	30.4	58.3	
901	4392	819256	821289	2034bp	gp: AL021646	Mycobacterium tuberculosis H37Rv uvrD	59.3	81.5	DNA helicase
902	4393	822107	821292	816bp	gp: AL021646	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3196	26.8	49.3	
903	4394	822081	822671	591bp					
904	4395	824127	822682	1446bp	gp: AL021646	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3195	42.8	76.4	
905	4396	824012	825241	1230bp	gp: AL021646	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3194	43.4	74.9	
906	4397	825918	825244	675bp	gp:				
907	4398	826519	825998	522bp	gp:				
908	4399	826618	829572	2955bp	gp: AL021646	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3193c	47.2	73.5	integral membrane protein
909	4400	830987	829629	1359bp	gp: AF189258	Streptomyces venezuelae transcriptional regulator gene	34.8	60.5	transcriptional regulator
910	4401	830942	831973	1032bp	gp: Z95387	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2606c	78.9	94.1	ethylene-inducible protein
911	4402	831973	832572	600bp	gp: AE001725	Thermotoga maritima TMO472	43.9	74.5	amidotransferase, putative
912	4403	833656	833552	105bp					
913	4404	833517	834635	1119bp	gp: AL022121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3668c	36.2	64.3	
914	4405	834778	834933	156bp	gp:				
915	4406	834890	835390	501bp	gp:				
916	4407	835255	835839	585bp	gp:				
917	4408	836092	836250	159bp	gp:				
918	4409	836525	836662	138bp	gp:				
919	4410	837314	838894	1581bp	gp: X66078	C. glutamicum copI	27.0	51.5	PSI
920	4411	838927	839355	429bp	gp:				
921	4412	839632	840141	510bp	gp:				
922	4413	840110	840331	222bp	gp:				

【0080】

【表34】

第1-34表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7/1000)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
923	4414	840433	840212	222bp	gp:				
924	4415	840747	840439	309bp	gp:				
925	4416	842298	841519	780bp	gp: Z83867	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3137	66.1	89.0	monophosphatase
926	4417	843180	842308	873bp	gp: U70376	Streptomyces flavopersicus spcA	33.7	59.3	myo-inositol monophosphatase
927	4418	843314	843225	90bp	gp:				
928	4419	843238	844362	1125bp	gp: Z95150	Mycobacterium tuberculosis H37Rv prfB	70.0	87.8	peptide chain release factor 2
929	4420	844497	845183	687bp	gp: Z95150	Mycobacterium tuberculosis H37Rv ftsE	70.4	91.2	cell division ATP-binding protein
930	4421	845152	846099	948bp	gp: Z95150	Mycobacterium tuberculosis H37Rv ftsX	40.5	74.8	membrane protein
931	4422	846139	846630	492bp	gp: Z98271	Mycobacterium leprae smgB	66.4	91.3	small protein B
932	4423	846807	846271	537bp	gp:				
933	4424	846634	846984	351bp	gp: AE000274	Escherichia coli o122	44.0	73.3	
934	4425	847729	848028	300bp	gp:				
935	4426	848124	847720	405bp	gp:				
936	4427	849325	848501	825bp	gp: AF030977	Vibrio cholerae glutamyl viuB	26.8	52.9	vibriobactin utilization
937	4428	850245	849328	918bp	gp: Z99108	Bacillus subtilis yfiY	31.7	58.9	iron(III) dicitrate transport permease
938	4429	851001	850414	588bp	gp: AL023635	Mycobacterium leprae MLC81243.07	36.1	71.2	integral membrane protein
939	4430	851317	852366	1050bp	gp: Z99106	Bacillus subtilis yciQ	25.5	60.3	ferrichrome ABC transporter (binding protein)
940	4431	852620	853618	999bp	gp: Z99106	Bacillus subtilis yciN	39.3	80.8	ferrichrome ABC transporter (permease)
941	4432	853608	854726	1119bp	gp: Z99106	Bacillus subtilis yciO	35.6	76.0	ferrichrome ABC transporter (permease)
942	4433	854726	855478	753bp	gp: Z99106	Bacillus subtilis yciP	48.4	82.0	ferrichrome ABC transporter (ATP-binding protein)
943	4434	856096	856001	96bp	gp:				
944	4435	857511	857401	111bp	gp:				
945	4436	857692	857787	96bp	gp:				
946	4437	859392	859138	255bp	gp:				
947	4438	861557	862765	1209bp	gp: AL022004	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0858c	52.6	76.9	
948	4439	863404	862766	639bp	gp:				
949	4440	865079	863409	1671bp	gp: AL022004	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0861c	75.7	91.3	DNA helicase
950	4441	867435	865132	2304bp	gp: AL022004	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0862c	36.1	65.2	

【0081】

【表 3 5】

第 1-35 表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7シ 酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
951	4442	867366	867584	219bp	gp: AL022004	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0863	46.8	71.0	
952	4443	868412	867816	597bp	gp: AL022004	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0867c	43.1	66.7	
953	4444	867801	868643	843bp	gp:				
954	4445	868951	869331	381bp	gp: AL022004	Mycobacterium tuberculosis H37Rv cspB	52.6	81.5	cold shock protein 8
955	4446	869916	869392	525bp	gp: Z99494	Mycobacterium leprae MLC857. 27c	28.3	58.5	
956	4447	870755	869931	825bp	gp:				
957	4448	871432	870734	699bp	gp:				
958	4449	871536	871673	138bp	gp:				
959	4450	871872	871672	201bp	gp:				
960	4451	871751	873223	1473bp	gp: AL034492	Streptomyces coelicolor SC6C5. 09	43.6	79.3	probable permease
961	4452	873226	874053	828bp	gp: Z73101	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0881			
962	4453	874957	874082	876bp	gp:				
963	4454	875932	874964	969bp	gp: Z73101	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0883c	32.6	55.1	
964	4455	877137	875998	1140bp	gp: Z99494	Mycobacterium leprae MLC857. 37c			phosphoserine aminotransferase
965	4456	877336	877220	117bp	gp:				
966	4457	877851	879161	1311bp	gp: X66112	C. glutamicum glt	100.0	100.0	citrate synthase
967	4458	879247	879642	396bp	gp: X66112	C. glutamicum ORF	100.0	100.0	putative binding protein
968	4459	881127	879655	1473bp	gp: Z73101	Mycobacterium tuberculosis H37Rv accD3	47.8	72.5	carboxylase carboxylase beta subunits
969	4460	881660	881998	339bp	gp: AL022374	Streptomyces coelicolor SC588. 16	42.3	74.2	
970	4461	882008	883660	1653bp	gp: AL022374	Streptomyces coelicolor SC588. 17	53.4	80.5	
971	4462	883739	884554	816bp	gp:				
972	4463	885419	884562	858bp	gp: Z83863	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2525c	49.0	77.4	
973	4464	885685	894591	8907bp	gp:				
974	4465	894716	895204	489bp	gp:				
975	4466	895225	895368	144bp	gp:				
976	4467	895421	895606	186bp	gp:				
977	4468	896655	895609	1047bp	gp: AF124929	Streptomyces clavuligerus cvm4	34.7	63.7	clavamate synthase
978	4469	897157	896732	426bp	gp:				
979	4470	897436	897702	267bp	gp:				
980	4471	897976	897740	237bp	gp:				
981	4472	898447	897992	456bp	gp: AL008967	Mycobacterium tuberculosis H37Rv dfrA	38.3	64.8	dihydrofolate reductase
982	4473	899244	898447	798bp	gp: AL008967	Mycobacterium tuberculosis H37Rv thyA	73.3	89.7	thymidylate synthase

【0082】

【表36】

第1-36表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7シ 酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
983	4474	900021	899266	756bp	gp: U00017	Mycobacterium leprae cysQ	49.4	70.5	
984	4475	900056	904615	4560bp	gp: AL031031	Streptomyces coelicolor SC7C7.16c	47.4	68.1	ATP dependent DNA helicase
985	4476	904628	905395	768bp	gp: AL031031	Streptomyces coelicolor SC7C7.15c	40.5	69.1	DNA glycosylase involved in DNA repair
986	4477	905402	905809	408bp	gp: AL022004	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0870c	55.5	86.7	
987	4478	906404	905805	600bp	gp: D64004	Synechocystis sp. PCC6803 slr0509	40.6	73.3	
988	4479	907744	906572	1173bp	gp: AL096844	Streptomyces coelicolor SC128.06c	33.8	67.0	integral membrane transporter
989	4480	909607	907772	1836bp	gp: Z79700	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0946c	63.1	84.9	glucose-6-phosphate isomerase
990	4481	910709	909534	1176bp	gp: Z97991	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0336	24.8	43.3	
991	4482	911176	910868	309bp	gp: Z79700	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0948c	59.0	85.9	
992	4483	910856	911236	381bp	gp:				
993	4484	911239	913527	2289bp	gp: Z79700	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0949	62.8	81.1	DNA helicase
994	4485	915712	913490	2223bp	gp: AL021999	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0987	21.0	44.8	integral membrane protein
995	4486	916377	915712	666bp	gp: AE001033	Archaeoglobus fulgidus AF1018	51.1	76.3	ABC transporter, ATP-binding protein
996	4487	916887	916381	507bp	gp:				
997	4488	917693	916983	711bp	gp:	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0950c	43.6	73.3	
998	4489	918067	917840	228bp	gp:				
999	4490	917938	919365	1428bp	gp: Z79700	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0955	31.1	60.8	membraneprotein
1000	4491	919310	919969	660bp	gp: AL035500	Mycobacterium leprae purH	55.0	76.0	phosphoribosylglyci namide formyltransferase
1001	4492	919944	921539	1596bp	gp: Z79700	Mycobacterium tuberculosis H37Rv purH	66.7	83.7	phosphoribosylamino imidazolecarboxamid e formyltransferase
1002	4493	921607	922425	819bp					
1003	4494	923074	922409	666bp					
1004	4495	924050	923151	900bp					
1005	4496	924420	924172	249bp					
1006	4497	924740	924438	303bp					
1007	4498	924908	924747	162bp					
1008	4499	925147	924914	234bp					
1009	4500	926948	925338	1611bp					
1010	4501	927255	926944	312bp					
1011	4502	927487	927750	264bp					

【0083】

【表37】

第1-37表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (73/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
1012	4503	927798	927352	447bp					
1013	4504	927765	927935	171bp					
1014	4505	928061	928825	765bp					
1015	4506	928825	930261	1437bp					
1016	4507	930339	931661	1323bp					
1017	4508	931719	932303	585bp					
1018	4509	932303	932500	198bp					
1019	4510	933029	932583	447bp					
1020	4511	933723	933073	651bp					
1021	4512	934315	933746	570bp					
1022	4513	934307	935332	1026bp					
1023	4514	935364	936620	1257bp					
1024	4515	936607	937287	681bp					
1025	4516	937395	938414	1020bp					
1026	4517	939230	937812	1419bp					
1027	4518	938440	939639	1200bp					
1028	4519	939699	940103	405bp					
1029	4520	940054	940767	714bp					
1030	4521	940772	941938	1167bp					
1031	4522	942250	942119	132bp					
1032	4523	943953	942394	1560bp					
1033	4524	943983	944846	864bp					
1034	4525	944973	946793	1821bp					
1035	4526	946844	948682	1839bp					
1036	4527	948795	950852	2058bp					
1037	4528	951473	950841	633bp					
1038	4529	953004	951847	1158bp					
1039	4530	953586	953056	531bp					
1040	4531	953986	954279	294bp					
1041	4532	954954	955367	414bp	gp:AF052055	Brevibacterium linens tnpA	72.6	87.6	transposase subunit
1042	4533	955367	955510	144bp	gp:				
1043	4534	957501	955699	1803bp	gp:X01067	E. coli gene did	46.4	75.6	D-lactate dehydrogenase
1044	4535	959011	957857	1155bp	gp:M76435	K. pneumoniae KpnI restriction endonuclease and DNA methylase genes	30.8	62.8	DNA methylase
1045	4536	959416	959198	219bp	gp:				
1046	4537	960094	960387	294bp					
1047	4538	961675	961334	342bp					
1048	4539	961612	962262	651bp					
1049	4540	962301	962426	126bp					
1050	4541	962813	963652	840bp					
1051	4542	963697	963789	93bp					
1052	4543	963793	964947	1155bp					
1053	4544	964987	965865	879bp					
1054	4545	965865	966797	933bp					
1055	4546	966841	968673	1833bp					
1056	4547	968680	969471	792bp					
1057	4548	969953	969474	480bp					
1058	4549	969976	970362	387bp					
1059	4550	970431	970751	321bp					
1060	4551	970877	971836	960bp					
1061	4552	971989	971900	90bp					
1062	4553	973225	972257	969bp					
1063	4554	973152	974168	1017bp					
1064	4555	974199	974975	777bp					

【0084】

【表 38】

第 1-38 表

配列 番号 (塩 基配 列)	配列番 号 (7/3 酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
1065	4556	976189	974978	1212bp					
1066	4557	976260	977747	1488bp					
1067	4558	978391	977813	579bp					
1068	4559	980753	978381	2373bp					
1069	4560	981000	981503	504bp					
1070	4561	981635	982300	666bp					
1071	4562	982687	982307	381bp					
1072	4563	983062	984663	1602bp					
1073	4564	986658	984877	1782bp					
1074	4565	986752	988020	1269bp					
1075	4566	988036	988917	882bp					
1076	4567	988917	989993	1077bp					
1077	4568	989993	990718	726bp					
1078	4569	990729	991427	699bp					
1079	4570	992041	991430	612bp					
1080	4571	992071	993093	1023bp					
1081	4572	993187	994626	1440bp					
1082	4573	995457	994858	600bp					
1083	4574	996139	995540	600bp					
1084	4575	996154	996261	108bp					
1085	4576	996415	996843	429bp					
1086	4577	997469	996846	624bp					
1087	4578	998453	997479	975bp					
1088	4579	999922	998468	1455bp					
1089	4580	1001255	1000029	1227bp					
1090	4581	1001339	1002877	1539bp					
1091	4582	1003020	1003943	924bp					
1092	4583	1003966	1004796	831bp					
1093	4584	1004842	1006098	1257bp					
1094	4585	1006102	1006710	609bp					
1095	4586	1006950	1006747	204bp					
1096	4587	1007011	1008165	1155bp					
1097	4588	1008699	1008547	153bp					
1098	4589	1008635	1010074	1440bp					
1099	4590	1010070	1011803	1734bp					
1100	4591	1013780	1011810	1971bp					
1101	4592	1014029	1014277	249bp					
1102	4593	1014874	1014356	519bp					
1103	4594	1014938	1015129	192bp					
1104	4595	1015865	1015158	708bp					
1105	4596	1015665	1016573	909bp					
1106	4597	1016570	1017031	462bp					
1107	4598	1017883	1017287	597bp					
1108	4599	1018429	1019079	651bp					
1109	4600	1019079	1022729	3651bp					
1110	4601	1024679	1022712	1968bp					
1111	4602	1026436	1024679	1758bp					
1112	4603	1029049	1026518	2532bp					
1113	4604	1030296	1029019	1278bp					
1114	4605	1031884	1030382	1503bp					
1115	4606	1031898	1032194	297bp					
1116	4607	1032209	1032793	585bp					
1117	4608	1033198	1032773	426bp					
1118	4609	1033659	1033282	378bp					
1119	4610	1033967	1034752	786bp					
1120	4611	1034962	1036236	1275bp					
1121	4612	1036329	1036868	540bp					
1122	4613	1036907	1037458	552bp					

【0085】

【表 39】

第 1-39 表

配列 番号 (塩 基配 列)	配列番 号(7ミ ン)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
1123	4614	1037494	1036511	984bp					
1124	4615	1037461	1038423	963bp					
1125	4616	1039663	1038734	930bp					
1126	4617	1039796	1039990	195bp					
1127	4618	1040009	1040338	330bp					
1128	4619	1040507	1040695	189bp					
1129	4620	1040938	1041930	993bp					
1130	4621	1041998	1042855	858bp					
1131	4622	1043760	1043311	450bp					
1132	4623	1044308	1043787	522bp					
1133	4624	1044523	1044428	96bp					
1134	4625	1044972	1044490	483bp					
1135	4626	1045162	1046043	882bp					
1136	4627	1046086	1046403	318bp					
1137	4628	1046596	1047720	1125bp					
1138	4629	1047747	1048514	768bp					
1139	4630	1048538	1049056	519bp					
1140	4631	1050423	1049440	984bp					
1141	4632	1050562	1051938	1377bp					
1142	4633	1052013	1053893	1881bp					
1143	4634	1053893	1054615	723bp					
1144	4635	1055045	1054653	393bp					
1145	4636	1054872	1055735	864bp					
1146	4637	1055760	1056332	573bp					
1147	4638	1057213	1056335	879bp					
1148	4639	1057890	1057213	678bp					
1149	4640	1058611	1057856	756bp					
1150	4641	1057586	1058641	1056bp					
1151	4642	1060049	1058637	1413bp					
1152	4643	1060125	1060805	681bp					
1153	4644	1060882	1062159	1278bp					
1154	4645	1063642	1062224	1419bp					
1155	4646	1063949	1064437	489bp					
1156	4647	1064751	1064491	261bp					
1157	4648	1065213	1064767	447bp					
1158	4649	1065880	1065317	564bp					
1159	4650	1066096	1067583	1488bp					
1160	4651	1067583	1068662	1080bp					
1161	4652	1068662	1069858	1197bp					
1162	4653	1069866	1069976	111bp					
1163	4654	1069954	1071147	1194bp					
1164	4655	1072517	1071492	1026bp					
1165	4656	1072689	1073258	570bp					
1166	4657	1075254	1073353	1902bp					
1167	4658	1075566	1075342	225bp					
1168	4659	1075370	1075654	285bp					
1169	4660	1075922	1075680	243bp					
1170	4661	1077196	1075946	1251bp					
1171	4662	1077247	1078284	1038bp					
1172	4663	1079159	1078332	828bp					
1173	4664	1080712	1079234	1479bp					
1174	4665	1080978	1080799	180bp					
1175	4666	1082692	1082808	117bp					
1176	4667	1082790	1080985	1806bp					
1177	4668	1084196	1082964	1233bp					
1178	4669	1084375	1085475	1101bp					
1179	4670	1085790	1085500	291bp					
1180	4671	1085687	1086100	414bp					

【0086】

【表40】

第1-40表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7シ酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
1181	4672	1086100	1086930	831bp					
1182	4673	1087557	1087057	501bp					
1183	4674	1088306	1087677	630bp					
1184	4675	1089753	1088548	1206bp					
1185	4676	1090176	1093229	3054bp					
1186	4677	1093240	1094706	1467bp					
1187	4678	1094706	1094924	219bp					
1188	4679	1095065	1095397	333bp					
1189	4680	1095690	1095400	291bp					
1190	4681	1096106	1095732	375bp					
1191	4682	1096344	1096201	144bp					
1192	4683	1096484	1096344	141bp					
1193	4684	1096410	1096646	237bp					
1194	4685	1097124	1096759	366bp					
1195	4686	1097242	1097739	498bp					
1196	4687	1097763	1098605	843bp					
1197	4688	1098622	1098942	321bp					
1198	4689	1099222	1099028	195bp					
1199	4690	1099781	1099128	654bp					
1200	4691	1099835	1099930	96bp					
1201	4692	1099900	1101666	1767bp					
1202	4693	1101801	1101691	111bp					
1203	4694	1102056	1102652	597bp					
1204	4695	1102708	1103205	498bp					
1205	4696	1103193	1103537	345bp					
1206	4697	1103674	1103555	120bp					
1207	4698	1103964	1104116	153bp					
1208	4699	1106071	1104116	1956bp					
1209	4700	1107529	1106099	1431bp					
1210	4701	1107516	1108214	699bp					
1211	4702	1108214	1108918	705bp					
1212	4703	1109006	1109767	762bp					
1213	4704	1109805	1111445	1641bp					
1214	4705	1111833	1111438	396bp					
1215	4706	1111902	1112243	342bp					
1216	4707	1112970	1112497	474bp					
1217	4708	1113115	1114332	1218bp					
1218	4709	1114499	1115806	1308bp					
1219	4710	1116918	1115845	1074bp					
1220	4711	1117757	1116921	837bp					
1221	4712	1119047	1117764	1284bp					
1222	4713	1119740	1119099	642bp					
1223	4714	1119897	1120817	921bp					
1224	4715	1121472	1120846	627bp					
1225	4716	1121822	1121481	342bp					
1226	4717	1122895	1121831	1065bp					
1227	4718	1123083	1122913	171bp					
1228	4719	1123028	1123474	447bp					
1229	4720	1124839	1123547	1293bp					
1230	4721	1126033	1124849	1185bp					
1231	4722	1126396	1127022	627bp					
1232	4723	1127026	1128363	1338bp					
1233	4724	1128363	1129115	753bp					
1234	4725	1129115	1129645	531bp					
1235	4726	1129668	1130717	1050bp					
1236	4727	1130734	1131441	708bp					
1237	4728	1132136	1131414	723bp					
1238	4729	1134485	1132146	2340bp					

【0087】



【表41】

第1-41表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7シ酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
1239	4730	1134565	1135068	504bp					
1240	4731	1135489	1135704	216bp					
1241	4732	1136846	1135071	1776bp					
1242	4733	1137904	1136951	954bp					
1243	4734	1137973	1138872	900bp					
1244	4735	1138893	1139258	366bp					
1245	4736	1139209	1139505	297bp					
1246	4737	1139370	1139630	261bp					
1247	4738	1140034	1139648	387bp					
1248	4739	1140874	1140041	834bp					
1249	4740	1141258	1140914	345bp					
1250	4741	1141238	1142485	1248bp					
1251	4742	1143028	1142492	537bp					
1252	4743	1143752	1143039	714bp					
1253	4744	1144122	1146041	1920bp					
1254	4745	1146110	1147615	1506bp					
1255	4746	1147557	1148474	918bp					
1256	4747	1148458	1148895	438bp					
1257	4748	1148966	1149280	315bp					
1258	4749	1149292	1150392	1101bp					
1259	4750	1150421	1151041	621bp					
1260	4751	1151199	1152383	1185bp					
1261	4752	1153276	1152386	891bp					
1262	4753	1154696	1153308	1389bp					
1263	4754	1155689	1154742	948bp					
1264	4755	1155240	1156850	1611bp					
1265	4756	1156915	1157682	768bp					
1266	4757	1157689	1158537	849bp					
1267	4758	1158537	1159265	729bp					
1268	4759	1159280	1159585	306bp					
1269	4760	1159648	1159812	165bp					
1270	4761	1159878	1160741	864bp					
1271	4762	1162244	1160751	1494bp					
1272	4763	1163618	1162392	1227bp					
1273	4764	1163679	1164929	1251bp					
1274	4765	1165625	1164987	639bp					
1275	4766	1165750	1166397	648bp					
1276	4767	1166589	1167080	492bp					
1277	4768	1167123	1167590	468bp					
1278	4769	1168724	1167600	1125bp					
1279	4770	1169338	1168760	579bp					
1280	4771	1170623	1169334	1290bp					
1281	4772	1170685	1171200	516bp					
1282	4773	1171219	1171884	666bp					
1283	4774	1172475	1171882	594bp					
1284	4775	1176284	1172514	3771bp					
1285	4776	1180061	1176321	3741bp					
1286	4777	1180976	1180134	843bp					
1287	4778	1181688	1180885	804bp					
1288	4779	1181760	1183616	1857bp					
1289	4780	1183620	1184270	651bp					
1290	4781	1184293	1185168	876bp					
1291	4782	1185755	1185231	525bp					
1292	4783	1185838	1187052	1215bp					
1293	4784	1187056	1188402	1347bp					
1294	4785	1190695	1188401	2295bp					
1295	4786	1191100	1191555	456bp					
1296	4787	1191764	1191633	132bp					

【0088】

【表 4 2】

第 1-42 表

配列 番号 (塩 基配 列)	配列番 号 (7ミ 酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
1297	4788	1192411	1193820	1410bp					
1298	4789	1193880	1194203	324bp					
1299	4790	1194178	1195122	945bp					
1300	4791	1195929	1195138	792bp					
1301	4792	1195987	1197633	1647bp					
1302	4793	1197637	1197828	192bp					
1303	4794	1197847	1197942	96bp					
1304	4795	1199556	1198003	1554bp					
1305	4796	1201199	1199556	1644bp					
1306	4797	1202101	1201103	999bp					
1307	4798	1203645	1202107	1539bp					
1308	4799	1206841	1203929	2913bp					
1309	4800	1207236	1206844	393bp					
1310	4801	1207387	1208151	765bp					
1311	4802	1209582	1208225	1458bp					
1312	4803	1209844	1209936	93bp					
1313	4804	1209947	1212142	2196bp					
1314	4805	1213128	1212442	687bp					
1315	4806	1213213	1214871	1659bp					
1316	4807	1214884	1215951	1068bp					
1317	4808	1215965	1216849	885bp					
1318	4809	1217387	1216917	471bp					
1319	4810	1217995	1217456	540bp					
1320	4811	1219882	1218044	1839bp					
1321	4812	1219908	1223009	3102bp					
1322	4813	1222999	1223856	858bp					
1323	4814	1223900	1225072	1173bp					
1324	4815	1225342	1225199	144bp					
1325	4816	1225079	1227706	2628bp					
1326	4817	1227876	1228649	774bp					
1327	4818	1228731	1229108	378bp					
1328	4819	1229729	1229193	537bp					
1329	4820	1229163	1229948	786bp					
1330	4821	1230008	1230493	486bp					
1331	4822	1230623	1230844	222bp					
1332	4823	1231445	1230927	519bp					
1333	4824	1231743	1232492	750bp					
1334	4825	1232616	1232849	234bp					
1335	4826	1233020	1234894	1875bp					
1336	4827	1234996	1235625	630bp					
1337	4828	1238138	1236558	1581bp					
1338	4829	1238287	1239936	1650bp					
1339	4830	1239942	1241276	1335bp					
1340	4831	1242169	1241567	603bp					
1341	4832	1242140	1242304	165bp					
1342	4833	1242288	1242169	120bp					
1343	4834	1242442	1243854	1413bp					
1344	4835	1243868	1244794	927bp					
1345	4836	1245214	1243955	1260bp					
1346	4837	1245545	1244856	690bp					
1347	4838	1246509	1245733	777bp					
1348	4839	1247252	1246521	732bp					
1349	4840	1248804	1247212	1593bp					
1350	4841	1252550	1248807	3744bp					
1351	4842	1253919	1252570	1350bp					
1352	4843	1254159	1254647	489bp					
1353	4844	1256687	1254750	1938bp					
1354	4845	1257871	1256864	1008bp					

【0089】

【表 4 3】

第 1-43 表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (731 酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
1355	4846	1259278	1257878	1401bp					
1356	4847	1260002	1259442	561bp					
1357	4848	1261271	1260006	1266bp					
1358	4849	1262906	1261701	1206bp					
1359	4850	1264668	1262899	1770bp					
1360	4851	1265083	1264970	114bp					
1361	4852	1265155	1267440	2286bp					
1362	4853	1267443	1268516	1074bp					
1363	4854	1268520	1269356	837bp					
1364	4855	1269217	1270056	840bp	gp: Z73419	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1301	62.3	86.0	
1365	4856	1270060	1271205	1146bp	gp: Z73419	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1302, rfe	54.2	81.3	undecaprenyl-phosphate
1366	4857	1271226	1271711	486bp					
1367	4858	1272197	1273162	966bp	gp: Z22606	Streptomyces lividans atpB	38.3	73.1	subunit a of the ATP synthase; part of the proton-translocating Fo complex
1368	4859	1273299	1273538	240bp	gp: Z22606	Streptomyces lividans atpE	58.7	88.9	subunit c of the ATP synthase; part of the proton-translocating Fo complex
1369	4860	1273572	1274135	564bp	gp: Z22606	Streptomyces lividans atpF	42.0	80.2	subunit b of the ATP synthase; part of the proton-translocating Fo complex
1370	4861	1274144	1274956	813bp	gp: Z22606	Streptomyces lividans atpH	34.7	70.8	subunit delta of the ATP synthase; part of the catalytic F1 complex
1371	4862	1274988	1276661	1674bp	gp: Z73419	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1308, atpA	68.5	89.5	ATP synthase alpha chain
1372	4863	1276721	1277695	975bp	gp: Z73419	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1309, atpG	48.7	74.9	ATP synthase gamma chain
1373	4864	1277701	1279149	1449bp	gp: X76875	C. glutamicum (ASO 19), atpD	99.8	100.0	ATPase beta-subunit
1374	4865	1279164	1279535	372bp	gp: Z73419	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1311, atpC	47.5	78.8	ATP synthase epsilon chain
1375	4866	1279775	1279659	117bp					
1376	4867	1279783	1280253	471bp					
1377	4868	1280283	1280972	690bp					
1378	4869	1281727	1281275	453bp					
1379	4870	1281768	1282118	351bp					
1380	4871	1282207	1283127	921bp					
1381	4872	1283337	1284479	1143bp					
1382	4873	1284555	1284445	111bp					
1383	4874	1284530	1285297	768bp					
1384	4875	1285264	1286043	780bp					
1385	4876	1286056	1287012	957bp					

【0090】

【表44】

第1-44表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7ミ/酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
1385	4877	1289699	1287294	2406bp					
1387	4878	1291632	1289527	2106bp					
1388	4879	1291712	1292590	879bp					
1389	4880	1293235	1294038	804bp					
1390	4881	1294059	1295219	1161bp					
1391	4882	1295442	1296233	792bp					
1392	4883	1296266	1297216	951bp					
1393	4884	1297225	1298352	1128bp					
1394	4885	1298666	1298355	312bp					
1395	4886	1298554	1298694	141bp					
1396	4887	1300158	1299013	1146bp					
1397	4888	1300382	1300158	225bp					
1398	4889	1300490	1301068	579bp					
1399	4890	1301942	1301001	942bp					
1400	4891	1303136	1301988	1149bp					
1401	4892	1303312	1303707	396bp					
1402	4893	1303842	1304936	1095bp					
1403	4894	1304945	1305934	990bp					
1404	4895	1307397	1305937	1461bp					
1405	4896	1308209	1307475	735bp					
1406	4897	1308343	1310382	2040bp					
1407	4898	1311110	1310448	663bp					
1408	4899	1311333	1311629	297bp					
1409	4900	1311638	1313128	1491bp					
1410	4901	1313283	1314131	849bp					
1411	4902	1314908	1314483	426bp					
1412	4903	1315026	1316096	1071bp					
1413	4904	1316294	1317457	1164bp					
1414	4905	1317447	1319018	1572bp					
1415	4906	1319018	1319989	972bp					
1416	4907	1320014	1320955	942bp					
1417	4908	1320965	1321333	369bp					
1418	4909	1321489	1322124	636bp					
1419	4910	1322406	1323419	1014bp					
1420	4911	1323462	1324550	1089bp					
1421	4912	1324767	1326269	1503bp					
1422	4913	1326385	1327062	678bp					
1423	4914	1327174	1328256	1083bp					
1424	4915	1328966	1328259	708bp					
1425	4916	1329028	1329897	870bp					
1426	4917	1330980	1329904	1077bp					
1427	4918	1331073	1331888	816bp					
1428	4919	1331966	1333021	1056bp					
1429	4920	1333437	1333201	237bp					
1430	4921	1335293	1333455	1839bp					
1431	4922	1336066	1335425	642bp					
1432	4923	1337706	1336108	1599bp					
1433	4924	1338033	1337944	90bp					
1434	4925	1338144	1340021	1878bp					
1435	4926	1339993	1340553	561bp					
1436	4927	1340737	1341750	1014bp					
1437	4928	1342470	1341973	498bp					
1438	4929	1342740	1342474	267bp					
1439	4930	1343688	1342807	882bp					
1440	4931	1343786	1344046	261bp					
1441	4932	1344031	1344477	447bp					
1442	4933	1344453	1344821	369bp					
1443	4934	1344948	1345433	486bp					

【0091】

【表45】

第1-45表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7/10)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
1444	4935	1345500	1345348	153bp					
1445	4936	1345579	1345490	90bp					
1446	4937	1345364	1346452	1089bp					
1447	4938	1346471	1348285	1815bp					
1448	4939	1348347	1350089	1743bp					
1449	4940	1350868	1352457	1590bp					
1450	4941	1352598	1353464	867bp					
1451	4942	1353481	1354521	1041bp					
1452	4943	1355614	1354553	1062bp					
1453	4944	1356450	1356355	96bp					
1454	4945	1355702	1357567	1866bp					
1455	4946	1357570	1358223	654bp					
1456	4947	1358272	1359075	804bp					
1457	4948	1359065	1359682	618bp					
1458	4949	1359823	1359927	105bp					
1459	4950	1361308	1360181	1128bp					
1460	4951	1361359	1362861	1503bp					
1461	4952	1363151	1362939	213bp					
1462	4953	1363670	1363155	516bp					
1463	4954	1364266	1363745	522bp					
1464	4955	1364973	1364353	621bp					
1465	4956	1365193	1364891	303bp					
1466	4957	1364928	1365269	342bp					
1467	4958	1365409	1365230	180bp					
1468	4959	1366782	1366901	120bp					
1469	4960	1366966	1367058	93bp					
1470	4961	1367180	1367299	120bp					
1471	4962	1367306	1367130	177bp					
1472	4963	1367306	1367518	213bp					
1473	4964	1367765	1367893	129bp					
1474	4965	1368083	1367901	183bp					
1475	4966	1368413	1369564	1152bp					
1476	4967	1369564	1369887	324bp					
1477	4968	1371764	1369890	1875bp					
1478	4969	1372339	1371992	348bp					
1479	4970	1372614	1373144	531bp					
1480	4971	1375789	1373363	2427bp					
1481	4972	1376000	1375818	183bp					
1482	4973	1376101	1375946	156bp					
1483	4974	1377568	1376162	1407bp					
1484	4975	1378428	1377679	750bp					
1485	4976	1378955	1378479	477bp					
1486	4977	1379016	1379579	564bp					
1487	4978	1380272	1379568	705bp					
1488	4979	1380444	1381895	1452bp					
1489	4980	1381915	1382505	591bp					
1490	4981	1383934	1382858	1077bp					
1491	4982	1383943	1384098	156bp					
1492	4983	1384143	1385138	996bp					
1493	4984	1385166	1386245	1080bp					
1494	4985	1387283	1386306	978bp					
1495	4986	1387345	1388337	993bp					
1496	4987	1388325	1389086	762bp					
1497	4988	1389077	1390801	1725bp					
1498	4989	1390809	1392929	2121bp					
1499	4990	1392952	1393164	213bp					
1500	4991	1393167	1393748	582bp					
1501	4992	1393755	1394234	480bp					

【0092】

【表46】

第1-46表

配列 番号 (塩 基配 列)	配列番 号(シ ー ン)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
1502	4993	1395574	1394813	762bp					
1503	4994	1394867	1395946	1080bp					
1504	4995	1396528	1395581	948bp					
1505	4996	1397575	1396574	1002bp					
1506	4997	1397675	1398481	807bp					
1507	4998	1399547	1398570	978bp					
1508	4999	1400953	1400198	756bp					
1509	5000	1400939	1401346	408bp					
1510	5001	1401346	1402089	744bp					
1511	5002	1403148	1403008	141bp					
1512	5003	1403141	1404004	864bp					
1513	5004	1404010	1404228	219bp					
1514	5005	1404898	1404707	192bp					
1515	5006	1406187	1405333	855bp					
1516	5007	1406652	1406560	93bp					
1517	5008	1407548	1407180	369bp					
1518	5009	1409154	1409294	141bp					
1519	5010	1409507	1409737	231bp					
1520	5011	1409815	1409441	375bp					
1521	5012	1411024	1410077	948bp					
1522	5013	1411437	1411132	306bp					
1523	5014	1412013	1411450	564bp					
1524	5015	1412364	1412585	222bp					
1525	5016	1412929	1412639	291bp					
1526	5017	1413714	1413562	153bp					
1527	5018	1413758	1416472	2715bp					
1528	5019	1417896	1416475	1422bp					
1529	5020	1417909	1418883	975bp					
1530	5021	1418889	1419761	873bp					
1531	5022	1420049	1419891	159bp					
1532	5023	1420920	1420084	837bp					
1533	5024	1421112	1422569	1458bp					
1534	5025	1422584	1421109	1476bp					
1535	5026	1422885	1423001	117bp					
1536	5027	1423230	1425278	2049bp					
1537	5028	1425292	1425891	600bp					
1538	5029	1426270	1427367	1098bp					
1539	5030	1427970	1427389	582bp					
1540	5031	1428062	1427817	246bp					
1541	5032	1429172	1428237	936bp					
1542	5033	1428303	1429259	957bp					
1543	5034	1430655	1429207	1449bp					
1544	5035	1431604	1430672	933bp					
1545	5036	1432625	1431588	1038bp					
1546	5037	1432763	1433560	798bp					
1547	5038	1434064	1433939	126bp					
1548	5039	1434055	1436214	2160bp					
1549	5040	1436348	1436788	441bp					
1550	5041	1437262	1436882	381bp					
1551	5042	1437315	1438214	900bp					
1552	5043	1440434	1440523	90bp					
1553	5044	1440573	1438225	2349bp					
1554	5045	1441599	1440688	912bp					
1555	5046	1442364	1442504	141bp					
1556	5047	1442405	1441806	600bp					
1557	5048	1442500	1445346	2847bp					
1558	5049	1447459	1445336	2124bp					
1559	5050	1447805	1448371	567bp					

【0093】

【表 4 7】

第 1-47 表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (73/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
1560	5051	1448403	1448594	192bp					
1561	5052	1448658	1449038	381bp					
1562	5053	1449953	1449132	822bp					
1563	5054	1450139	1450705	567bp					
1564	5055	1450904	1451833	930bp					
1565	5056	1451833	1452666	834bp					
1566	5057	1452771	1454084	1314bp					
1567	5058	1454128	1455351	1224bp					
1568	5059	1456079	1455363	717bp					
1569	5060	1456116	1456961	846bp					
1570	5061	1456988	1457506	519bp					
1571	5062	1457331	1458080	750bp					
1572	5063	1458126	1460630	2505bp					
1573	5064	1460784	1460900	117bp					
1574	5065	1461099	1462142	1044bp					
1575	5066	1462148	1463530	1383bp					
1576	5067	1463547	1463948	402bp					
1577	5068	1464067	1465137	1071bp					
1578	5069	1465224	1466387	1164bp					
1579	5070	1466436	1467386	951bp					
1580	5071	1467390	1468562	1173bp					
1581	5072	1468546	1469535	990bp					
1582	5073	1469542	1470054	513bp					
1583	5074	1470225	1471427	1203bp					
1584	5075	1471376	1470168	1209bp					
1585	5076	1471491	1472921	1431bp					
1586	5077	1472991	1474133	1143bp					
1587	5078	1474133	1475707	1575bp					
1588	5079	1475697	1476308	612bp					
1589	5080	1476348	1476533	186bp	gp: Z98268	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1689	59.3	75.9	
1590	5081	1476564	1477823	1260bp	gp: Z98268	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1689	69.3	88.6	Tyrosyl-tRNA synthase
1591	5082	1478407	1477943	465bp	gp:				
1592	5083	1479350	1479255	96bp	gp:				
1593	5084	1480765	1480655	111bp					
1594	5085	1480946	1481041	96bp	gp:				
1595	5086	1481530	1481748	219bp					
1596	5087	1482655	1482401	255bp	gp:				
1597	5088	1484698	1486050	1353bp	gp: Z98268	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1691	44.9	68.9	erythronolide synthase, modules
1598	5089	1486065	1487048	984bp	gp: AL109848	Streptomyces coelicolor cosmid IS1:SC151.28c	42.4	70.3	4-nitrophenylphosphatase
1599	5090	1487055	1487216	162bp					
1600	5091	1487261	1488079	819bp	gp: X98295	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1694, tlyA	54.2	74.0	cytotoxin/haemolysin
1601	5092	1488082	1489041	960bp	gp: Z98268	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1695	58.1	80.2	
1602	5093	1489126	1490904	1779bp	gp: Z98268	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1696, recN	50.3	75.3	DNA repair protein

【0094】

【表48】

第1-48表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7ミル)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
1603	5094	1490967	1492157	1191bp	gp: Z95117	Mycobacterium leprae cosmid B1351; MLC1351.11c	42.4	73.6	
1604	5095	1492170	1493132	963bp	gp: Z95117	Mycobacterium leprae cosmid B1351; MLC1351.10c	31.5	69.5	
1605	5096	1493536	1495197	1662bp	gp: U88301	Mycobacterium bovis pyrG	72.3	89.7	CTP synthetase, UTP-ammonia ligase; glutamine amidotransferase class I
1606	5097	1495210	1495884	675bp	gp: Z98268	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1700	54.5	74.8	
1607	5098	1495884	1496795	912bp	gp: Z98268	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1701	56.3	76.5	integrase/recombina se
1608	5099	1498347	1496818	1530bp	gp: M57437	Streptomyces fradiae tlrC	30.5	59.7	tylosin resistance protein
1609	5100	1498394	1498528	135bp					
1610	5101	1498793	1499668	876bp	gp: U00021	Mycobacterium leprae cosmid L247	70.9	87.1	involved in plasmid replication and nitrogenase iron proteins
1611	5102	1499744	1500718	975bp	gp: Z98268	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1709	62.0	81.6	
1612	5103	1501494	1500934	561bp	gp:				
1613	5104	1501733	1502599	867bp	gp: D10496	E. coli sseA	36.8	68.2	Enhancement of serine-sensitivity
1614	5105	1502624	1503199	576bp	gp: Z98268	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1710	59.1	80.6	
1615	5106	1503302	1504261	960bp	gp: Z98268	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1711	60.3	85.5	
1616	5107	1504261	1504968	708bp	gp: Z98268	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1712, cdk	58.2	79.5	Cytidylate kinase
1617	5108	1504968	1506596	1629bp	gp: Z98268	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1713	62.7	85.0	GTP-binding protein,
1618	5109	1507350	1506685	666bp	gp:				
1619	5110	1507925	1507428	498bp	gp:				
1620	5111	1508857	1507940	918bp	gp: AL021841	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3342	36.2	67.2	
1621	5112	1508836	1510389	1554bp	gp: U21300	Corynebacterium striatum tetA	29.7	60.1	ABC transporter
1622	5113	1510389	1512155	1767bp	gp: AF027770	Mycobacterium smegmatis fxbA partial cds	40.0	71.0	ABC transporters
1623	5114	1512197	1513000	804bp	gp: M77129	E. coli luxH	39.7	73.2	unknown
1624	5115	1514550	1513003	1548bp	gp: AL109663	Streptomyces coelicolor cosmid 4A10; SC4A10.04c	35.7	66.8	Na <sup>+</sup> /H <sup>+</sup> antiporter
1625	5116	1514528	1514716	189bp					
1626	5117	1515182	1514997	186bp					

【0095】



【表 4 9】

第 1-49 表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (ミジ酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
1627	5118	1515817	1515431	387bp	gp: L20251	E. coli purU	35.4	56.2	formyl tetrahydrofolate hydrolase
1628	5119	1515419	1515838	420bp					
1629	5120	1517021	1515822	1200bp	gp: AE001058	Archaeoglobus fulgidus section 49 of 172 of the complete genome	25.2	63.8	
1630	5121	1517193	1519481	2289bp	gp: Z78020	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1821, secA	55.3	78.8	translocase
1631	5122	1519624	1520052	429bp	gp: Z78020	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1827	66.4	84.2	
1632	5123	1520213	1520968	756bp	gp: AL008609	Mycobacterium leprae cosmid B1788; MLCB1788.35c	42.7	74.5	
1633	5124	1520902	1521612	711bp	gp: AL008609	Mycobacterium leprae cosmid B1788; MLCB1788.34c	29.6	65.2	
1634	5125	1521794	1522366	573bp	gp: AL008609	Mycobacterium leprae cosmid B1788; MLCB1788.33c	73.8	86.9	
1635	5126	1522964	1522455	510bp					
1636	5127	1524523	1523075	1449bp					
1637	5128	1525520	1524591	930bp					
1638	5129	1526557	1525496	1062bp	gp: Z83859	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1841c	45.9	76.2	membrane protein
1639	5130	1527936	1526557	1380bp	gp: Z83859	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1842c	51.0	78.6	membrane protein
1640	5131	1527991	1528209	219bp					
1641	5132	1529353	1528010	1344bp	gp: AL021529	Streptomyces coelicolor cosmid 10A5; SC10A5.25c	49.8	75.3	DEAD-box RNA helicase
1642	5133	1529509	1530243	735bp	gp: Z75555	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1348	34.3	66.1	ABC transporter
1643	5134	1531839	1530364	1476bp	gp: Z83859	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1844c, gnd	71.1	88.3	6-phosphogluconate dehydrogenase
1644	5135	1531956	1532417	462bp	gp: Z83859	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1847	39.7	67.8	thioesterase
1645	5136	1532345	1533019	675bp	gp: AL096849	Streptomyces coelicolor cosmid 111; SC111.20c	29.0	53.8	methyltransferases
1646	5137	1533064	1533804	741bp	gp: Z98268	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1687c	45.8	77.7	ABC-type transport
1647	5138	1533804	1534544	741bp	gp: Z98268	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1686c	43.1	76.3	transmembrane protein
1648	5139	1535430	1534552	879bp	gp: U36841	E. coli psiD yfhH	26.6	63.7	Unknown
1649	5140	1536250	1535405	846bp	gp: J05260	E. coli psiD phn	29.9	63.3	alkylphosphonate uptake

【0096】

【表50】

第1-50表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (ミジ)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
1650	5141	1537053	1536250	804bp	gp: AF061070	Pseudomonas stutzeri ptxC	36.1	70.8	putative inner membrane component of binding-protein- dependent phosphite transporter
1651	5142	1537856	1537053	804bp	gp: AF061070	Pseudomonas stutzeri ptxA	46.3	77.9	ATPase component of binding-protein- dependent phosphite transporter
1652	5143	1538942	1537893	1050bp	gp:				
1653	5144	1538782	1538991	210bp	gp:				
1654	5145	1539687	1538986	702bp	gp: U33322	Synechococcus sp. cbbZp	25.5	51.5	phosphoglycolate phosphatase
1655	5146	1542320	1539843	2478bp	gp: U87940	Salmonella typhimurium thiD	47.3	70.2	HMP-P kinase
1656	5147	1542945	1542142	804bp	gp: U87940	Salmonella typhimurium thiM	46.6	77.5	hydroxyethyl thiazole kinase
1657	5148	1544685	1543177	1509bp	gp: AJ238250	Corynebacterium glutamicum ndh	100.0	100.0	NADH dehydrogenase
1658	5149	1544999	1546312	1314bp	AL021932	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0447c	28.6	55.0	cyclopropane fatty acidsynthase
1659	5150	1547715	1546330	1386bp	gp: U00039	E. coli chromosomal region from 76.0 to 81.5 minutes; Streptomyces coelicolor cosmid H35:SC135.47	49.7	77.8	metabolite transport protein
1660	5151	1548463	1547990	474bp	gp: AL078610	E. coli genomic DNA, Kohara clone #335(40.9-41.3 min.); ORF ID: #335#4	60.6	84.5	phosphoribosyltrans ferase
1661	5152	1548635	1549372	738bp	gp: D90826	Sinorhizobium sp. As4 arsenical resistance operon	39.8	68.4	
1662	5153	1549426	1550421	996bp	gp: AF178758	Streptomyces coelicolor cosmid 17:SC17.33	23.3	54.6	arsenical resistance operon
1663	5154	1550492	1550974	483bp	gp:				
1664	5155	1551568	1552260	693bp	gp: AL096743	Mycobacterium smegmatis mpr	62.2	83.8	
1665	5156	1552481	1553995	1515bp	gp: U50335		63.2	87.9	phage resistance
1666	5157	1554707	1554093	615bp					
1667	5158	1554851	1554756	96bp					
1668	5159	1554884	1555090	207bp					
1669	5160	1555102	1554914	189bp					
1670	5161	1555858	1555109	750bp					
1671	5162	1556399	1556794	396bp	gp: AL021899	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2050	71.8	87.3	
1672	5163	1557846	1557037	810bp	gp: Z98604	Mycobacterium leprae cosmid B2052; MLCB2052.02	59.1	80.2	
1673	5164	1559516	1557882	1635bp	gp: AL021899	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2051c	39.5	65.2	
1674	5165	1560145	1560234	90bp	gp:				
1675	5166	1560260	1559520	741bp	gp:				

【0097】

【表51】

第1-51表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7ミ/酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
1676	5167	1561773	1560460	1314bp	gp: Z95586	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1592c	28.4	53.7	
1677	5168	1561803	1562576	774bp					
1678	5169	1563915	1562548	1368bp	gp: Z73966	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2072c, cobL	32.7	61.4	methyl transferase
1679	5170	1563895	1564260	366bp					
1680	5171	1564260	1564505	246bp					
1681	5172	1565325	1564588	738bp	gp: Z73966	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2073c	54.1	75.4	oxidoreductase
1682	5173	1566500	1565325	1176bp	gp: Z73966	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2089c, pepQ	55.3	77.0	peptidase
1683	5174	1566491	1567129	639bp	gp:				
1684	5175	1569926	1567140	2787bp	gp: Z73966	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2093c	48.4	70.4	
1685	5176	1571025	1569955	1071bp	gp: Z7396	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2094c	52.6	80.5	
1686	5177	1571405	1571091	315bp	gp: Z82004	R. erythropolis 20S proteasome structural genes	41.2	64.7	
1687	5178	1572509	1571529	981bp	gp: Z82004	R. erythropolis 20S proteasome structural genes	33.5	66.2	
1688	5179	1573489	1572515	975bp	gp: Z82004	R. erythropolis ORF10(1) 20S	31.0	63.6	20S proteasome structural genes
1689	5180	1574959	1573514	1446bp	gp: Z82004	R. erythropolis ORF ORF9(1)	53.7	78.4	20S proteasome structural genes
1690	5181	1575168	1574968	201bp	gp: Z97559	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2111c	54.1	80.3	upstream of proteasome beta-type subunit 1
1691	5182	1574980	1575228	249bp					
1692	5183	1576970	1575429	1542bp	gp: U26422	Rhodococcus erythropolis ORF6(2)	49.4	75.1	
1693	5184	1578554	1576974	1581bp	gp: Z97559	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2115c	50.2	76.6	ATPase
1694	5185	1579423	1578590	834bp	gp: Z97559	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2118c	79.1	57.8	
1695	5186	1580794	1579472	1323bp	gp: AL096822	Streptomyces coelicolor cosmid GD3;SCGD3_02	46.0	77.5	aminopeptidase
1696	5187	1580821	1581663	843bp	gp: Z97559	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2119	45.4	71.4	
1697	5188	1581875	1582138	264bp	gp: L31763	Dichelobacter nodosus vap	40.6	72.5	virulence-associated protein
1698	5189	1582279	1582157	123bp					

【0098】

【表52】

第1-52表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (72/酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
1699	5190	1583505	1582297	1209bp	gp: Z82987	B. subtilis ywo[A, B, C, D, E, F, G, H] ]. nrg[A, B], spolIID and mbl genes	30.9	68.6	
1700	5191	1585514	1583937	1578bp	gp: D25316	Brevibacterium flavum aspA	99.8		aspartase
1701	5192	1586469	1585627	843bp	gp: AF050166	Corynebacterium glutamicum hisG	96.8		ATP phosphoribosyltrans ferase
1702	5193	1586770	1586489	282bp	gp: AF086704	Corynebacterium glutamicum hisE	98.9		phosphoribosyl-ATP- pyrophosphohydrolas e
1703	5194	1587588	1586836	753bp	gp: AE001780	Thermotoga maritima section 92 of 136	30.8	63.1	
1704	5195	1591259	1587597	3663bp	gp: Z97559	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2124c, meth	70.5	88.0	methionine synthase
1705	5196	1591367	1591936	570bp	gp: AF131877	Streptomyces collinus naphthomycin AHBA biosynthetic gene	26.2	47.1	naphthomycin AHBA biosynthesys
1706	5197	1592990	1591965	1026bp	gp: AL078610	Streptomyces coelicolor cosmid H35: SCH35. 27	42.5	66.2	oxidoreductase
1707	5198	1593361	1594536	1176bp	gp: Z80225	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2643, arsC	60.4	82.0	
1708	5199	1594556	1594975	420bp	gp: Z80225	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2643, arsC	37.9	65.0	
1709	5200	1595054	1595692	639bp	gp: AL0786	Streptomyces coelicolor cosmid H35: SCH35. 24c	52.8	78.7	heavy metal reductase, arsenate reductases
1710	5201	1596245	1595868	378bp					
1711	5202	1597532	1596273	1260bp	gp: Z97559	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2130c, cys2	56.6	77.5	cysteinyl-trna synthetase
1712	5203	1598647	1597769	879bp	gp: Z95388	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2136c	55.0	87.8	membrane protein
1713	5204	1598559	1599638	1080bp	gp: U19620	Agrobacterium tumefaciens plasmid pTi15955 mocA	33.4	62.6	putative oxido- reductase
1714	5205	1599679	1600701	1023bp	gp: Z95388	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2138	27.0	53.5	lipoprotein
1715	5206	1600716	1601828	1113bp	gp: Z95388	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2139, pyrD	60.8	82.1	dihydroorotate dehydrogenase (EC 1.3.3.1)
1716	5207	1602305	1601955	351bp					
1717	5208	1602684	1603490	807bp					
1718	5209	1603496	1604653	1158bp	gp: Z95389	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3430c	31.2	57.1	transposase
1719	5210	1605339	1604854	486bp					

【0099】

【表53】

第1-53表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7シ 酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
1720	5211	1605934	1605305	630bp	gp: Z95388	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2140c, YbbB	52.9	75.0	
1721	5212	1607681	1605885	1797bp	gp: U21300	Corynebacterium striatum tetB	68.7	43.6	ABC transporter
1722	5213	1609292	1607685	1608bp	gp: U21300	Corynebacterium striatum tetA	36.8	67.1	ABC transporter
1723	5214	1609111	1609359	249bp	gp:	逆向き			
1724	5215	1610260	1610868	609bp	gp: Z92770	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0133	34.2	64.4	
1725	5216	1611087	1610980	108bp					
1726	5217	1612262	1611174	1089bp	gp: Z79701	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1496	60.2	86.0	
1727	5218	1614468	1612258	2211bp	gp: Z79701	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1493, mutB	73.8	878.0	Methylmalonyl-coa mutase alpha-subunit
1728	5219	1616322	1614475	1848bp	gp: Z79701	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1492, mutA	44.4	71.7	Methylmalonyl-coa mutase beta-subunit
1729	5220	1616551	1617324	774bp	gp: Z79701	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1491	39.7	70.1	membraneprotein
1730	5221	1617422	1618018	597bp					
1731	5222	1619640	1618345	1296bp	gp: Z79701	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1488	64.1	87.0	
1732	5223	1620130	1619696	435bp	gp: Z79701	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1487	44.7	78.7	transcriptional regulator
1733	5224	1621033	1620191	843bp	gp: AL021899	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2033c	45.7	68.9	
1734	5225	1621080	1621862	783bp	gp:				
1735	5226	1623031	1621865	1167bp	gp: Z79701	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1485, hemZ	48.1	69.6	Ferrochelatase
1736	5227	1624940	1623051	1890bp	gp: AL021184	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1477	30.7	52.5	exported protein with unusually long signal sequence
1737	5228	1625182	1625087	96bp					
1738	5229	1625949	1625452	498bp					
1739	5230	1626303	1629131	2829bp	gp: AB025424	Corynebacterium glutamicum acn		99.5	aconitase
1740	5231	1629322	1629885	564bp	gp: AL021184	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1474c	81.6	54.6	transcription regulator equivalent
1741	5232	1629937	1630692	756bp	gp: U67598	Methanococcus jannaschii section 140 of 150	21.3	51.9	
1742	5233	1631449	1630691	759bp	gp: AB016431	Staphylococcus aureus, czr genes	29.9	58.8	zinc responsible operon
1743	5234	1631769	1631377	393bp					
1744	5235	1631684	1631950	267bp	gp: U67596	Methanococcus jannaschii section 138 of 150	38.4	81.4	

【0100】

【表54】

第1-54表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7nt)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
1745	5236	1631957	1633348	1392bp	gp: U67606	Methanococcus jannaschii section 148 of 150	59.3	83.5	
1746	5237	1633590	1636265	2676bp	gp: Z74025	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1997, ctpF	43.1	70.5	cation transport ATPase
1747	5238	1636756	1636268	489bp	gp: AJ001205	Streptomyces coelicolor A3 (2) glycogen metabolism cluster1 unnamed protein product	34.5	58.4	
1748	5239	1638106	1638216	111bp					
1749	5240	1637105	1638466	1362bp					
1750	5241	1638719	1638444	276bp					
1751	5242	1639389	1639544	156bp					
1752	5243	1639680	1639841	162bp					
1753	5244	1639805	1640179	375bp					
1754	5245	1640570	1641025	456bp					
1755	5246	1642698	1641070	1629bp	gp: AL021184	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1473	68.3	87.7	ABC transporter ATP binding protein, possibly in EF-3 subfamily
1756	5247	1644242	1642767	1476bp					
1757	5248	1645538	1644342	1197bp	gp: D01045	Micromonospora viridifaciens nedR protein	51.9	72.4	neuraminidase
1758	5249	1645685	1646392	708bp	gp: AF121000	Corynebacterium glutamicum strain 22243 R-plasmid pAG1 tnpB	99.6	100.0	IS1628 transposase TnpB
1759	5250	1646573	1647157	585bp					
1760	5251	1647658	1647236	423bp	gp: AL021184	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1466	64.1	79.5	
1761	5252	1648121	1647675	447bp	gp: AL021184	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1465	66.7	86.8	
1762	5253	1649446	1648124	1323bp	gp: AL021184	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1464	84.4	64.9	nitrogen fixation
1763	5254	1650146	1649391	756bp	gp: AL096839	Streptomyces coelicolor cosmid C22; SCC22.04c	70.2	89.3	ABC transporter ATP-binding subunit
1764	5255	1651448	1650273	1176bp	gp: AL021184	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1462	55.2	83.0	
1765	5256	1652899	1651457	1443bp	gp: AL096839	Streptomyces coelicolor cosmid C22; SCC22.07c	85.1	95.5	
1766	5257	1653610	1652918	693bp	gp: AL021184	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1460	50.7	77.2	
1767	5258	1653890	1655695	1806bp	gp: Z99125	Mycobacterium leprae cosmid L536; MLCL536.30	37.2	66.0	unknown, membrane protein
1768	5259	1655705	1656724	1020bp	gp: AL021184	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1458c	51.4	75.9	ABC-type transporter ATP-binding protein

【0101】

【表 55】

第 1-55 表

配列 番号 (塩 基配 列)	配列番 号(ジ ン)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
1769	5260	1656736	1657539	804bp	gp: Z99125	Mycobacterium leprae cosmid L536; protein MLCL536.32	41.0	74.8	unknown, possible membrane protein
1770	5261	1657662	1658699	1038bp	gp: AL021184	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1456c	43.0	74.6	membrane protein
1771	5262	1658812	1661160	2349bp					
1772	5263	1661593	1662576	984bp	gp: AL021184	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1454c, qor	48.8	71.5	quinone oxidoreductase (EC 1.6.5.5) (NADPH:QUINONE REDUCTASE)
1773	5264	1663622	1662654	969bp	gp: Z95844	Mycobacterium tuberculosis H37Rv ctaB	54.3	80.4	cytochrome C oxidase assembly factor
1774	5265	1664427	1666526	2100bp	gp: AB023377	tkf		99.9	transketolase
1775	5266	1666697	1667776	1080bp					
1776	5267	1667788	1666625	1164bp	gp: Z95844	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1448c, tal	61.7	85.2	transaldolase (ec 2.2.1.2)
1777	5268	1667884	1669425	1542bp	gp: Z95844	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1447c, zwf2	73.0	88.6	glucose-6-phosphate 1-dehydrogenase (EC 1.1.1.49)
1778	5269	1669443	1670399	957bp	gp: Z95844	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1446c, opcA	40.6	71.7	oxppcycle protein (involved in functional assembly of glucose 6- phosphate dehydrogenase)
1779	5270	1670419	1671123	705bp	gp: Z95844	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1445c, devB	51.5	74.7	glucose-6-phosphate 1-dehydrogenase belongs to a different family to the upstream gene zwf2
1780	5271	1671701	1671297	405bp	gp: D10553				
1781	5272	1671747	1673147	1401bp	gp: AF126281	Rhodococcus erythropolis insertion sequence IS1676 transposase gene	24.6	46.6	transposase
1782	5273	1674168	1673290	879bp	gp: AJ007732	sox			N60bp long c200bp long/ sarcosine oxidase
1783	5274	1675292	1674147	1146bp	gp: AJ007732	ocd			N60bp long/ ornithine cyclodeaminase
1784	5275	1676647	1675292	1356bp	gp: X93513	amt			100.0 membrane protein
1785	5276	1677354	1677073	282bp	gp: AJ007732	secG			100.0 N51bp long/ integral membrane protein
1786	5277	1677235	1677408	174bp					1784の逆向き
1787	5278	1680233	1677411	2823bp	gp: M25819	C. glutamicum ppc	100.0	100.0	N66bp long
1788	5279	1680206	1680325	120bp	gp: X59403				
1789	5280	1681132	1680355	777bp	gp: X59403	Corynebacterium glutamicum tpi	99.2	99.6	triosephosphate isomerase

【0102】

【表56】

第1-56表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7シ酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
1790	5281	1682578	1681214	1365bp	gp: X59403	Corynebacterium glutamicum pgk		98.5	phosphoglycerate kinase
1791	5282	1683649	1682648	1002bp	gp: X59403	Corynebacterium glutamicum gap		99.7	glyceraldehyde-3-phosphate
1792	5283	1685121	1684141	981bp	gp: Z80108	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1423	63.9	87.3	unknown
1793	5284	1686156	1685134	1023bp	gp: Z80108	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1422	56.3	82.5	unknown
1794	5285	1687102	1686176	927bp	gp: Z80108	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1421	52.0	76.2	unknown
1795	5286	1689214	1687127	2088bp	gp: Z80108	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1420, uvrC	61.6	82.2	excinuclease abc subunit c
1796	5287	1689803	1689225	579bp	gp: Z80108	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1417	32.7	68.7	unknown
1797	5288	1690408	1689893	516bp	gp: Z80108	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1416, ribH	59.6	84.0	riboflavin synthase beta chain
1798	5289	1691688	1690384	1305bp	gp: Z80108	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1415, ribA	67.4	85.9	gtpcyclohydrolase ii
1799	5290	1692295	1691663	633bp	gp: Z80108	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1412, ribC	61.9	80.7	Riboflavin synthase alpha chain
1800	5291	1693282	1692299	984bp	gp: Z80108	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1409, ribD	46.0	72.4	riboflavin-specific deaminase
1801	5292	1693942	1693286	657bp	gp: Z80108	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1408	58.7	82.2	ribulose-phosphate 3-epimerase
1802	5293	1695523	1693991	1533bp	gp: Z80108	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1407	53.7	76.4	RNA-binding protein
1803	5294	1696551	1695523	1029bp	gp: Z80108	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1406, fnt	53.3	76.5	methionyl-trna formyltransferase
1804	5295	1696996	1696490	507bp	gp: Z80108	Mycobacterium tuberculosis (strain H37RV) priA	49.1	75.4	primosomal protein n' (replication factor Y)
1805	5296	1699171	1697108	2064bp		Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1402	49.2	75.1	
1806	5297	1700487	1699201	1287bp	swissprot: P77899	Mycobacterium tuberculosis (strain H37RV) metK	51.7	75.8	S-adenosylmethionine synthetase
1807	5298	1701797	1700532	1266bp	swissprot: P71661	Mycobacterium tuberculosis (strain H37RV) dfp	58.2	81.7	dna/pantothenate metabolism flavoprotein homolog
1808	5299	1702346	1702056	291bp	swissprot: P71660	Mycobacterium tuberculosis (strain H37RV) hypothetical protein Rv1390	70.4	87.7	unknown

【0103】



【表 5 7】

第 1-57 表

配列 番号 (塩 基配 列)	配列番 号(7シ 酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
1809	5300	1703133	1702435	699bp	swissprot: P71659	Mycobacterium tuberculosis (strain H37RV) gmk	61.2	80.3	probable guanylate kinase
1810	5301	1703332	1703015	318bp	swissprot: Z80108	Mycobacterium tuberculosis (strain H37RV) mlHF	80.6	90.3	integration host factor
1811	5302	1704374	1703541	834bp	swissprot: P77898	Mycobacterium tuberculosis (strain H37RV) pyrF	53.3	75.5	orotidine-5'- phosphate decarboxylase (EC 4.1.1.23)
1812	5303	1707721	1704383	3339bp	pir A70990	Mycobacterium tuberculosis (strain H37RV) carB	72.9	89.6	probable carbamoyl- phosphate synthase large chain
1813	5304	1708908	1707730	1179bp	gp:Z81011	Mycobacterium tuberculosis (strain H37RV) carA	64.4	83.7	Carbamoyl-phosphate synthase
1814	5305	1710381	1709041	1341bp	gp:Z81011	Mycobacterium tuberculosis (strain H37RV) pyrC	65.8	83.5	probable dihydroorotase
1815	5306	1711372	1710437	936bp	swissprot: P71808	Mycobacterium tuberculosis (strain H37RV) pyrB	67.4	89.6	probable aspartate carbamoyltransferas e
1816	5307	1712008	1711376	633bp	gp:Z81011	Mycobacterium tuberculosis H37Rv pyrR	68.7	85.5	probable uracil phosphoribosyltrans ferase (EC 2.4.2.9)
1817	5308	1712060	1712149	90bp					
1818	5309	1712260	1713783	1524bp	swissprot: Q10403	Mycobacterium tuberculosis (strain H37RV) hypothetical protein Rv2216	40.2	73.4	unknown
1819	5310	1713875	1713786	90bp					
1820	5311	1713854	1714330	477bp					
1821	5312	1714323	1714784	462bp					
1822	5313	1714765	1714974	210bp					
1823	5314	1716116	1715406	711bp	gp:Z83863	Mycobacterium tuberculosis (strain H37RV) probable nusB protein	39.6	68.5	n utilization substance protein b
1824	5315	1716716	1716156	561bp	gp: X99289	B. lactofermentum gene encoding elongation factor P	97.9	98.4	elongation factor P
1825	5316	1717892	1716804	1089bp	gp:	Corynebacterium glutamicum pepQ	99.5	100.0	putative cytoplasmic peptidase
1826	5317	1719104	1717962	1143bp	gp:	aroB	95.3	96.7	3-dehydroquinate synthase
1827	5318	1719700	1719131	570bp	gp:	aroK	100.0	100.0	shikimate kinase
1828	5319	1720922	1719693	1230bp	gp:	aroC	100.0	100.0	chorismate synthase
1829	5320	1721405	1720995	411bp	gp:	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2551c	38.1	72.2	
1830	5321	1721749	1721447	303bp	gp:				

【0104】

【表58】

第1-58表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7/10)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
1831	5322	1721804	1722877	1074bp	gp AF109162	Corynebacterium diphtheriae heme uptake locus, complete sequence; ABC-type transporter permease.	35.7	73.4	ABC-type transporter permease
1832	5323	1722894	1723850	957bp	gp:AE00169 4	Thermotoga maritima (strain MS88) hypothetical protein TM0080	25.6	58.4	heme uptake locus, ABC-type transporter permease.
1833	5324	1723850	1724602	753bp	swissprot: P49938	Bacillus subtilis fhuC	38.3	71.7	ferrichrome ABC transporter (ATP-binding protein)
1834	5325	1725463	1724636	828bp	gp:Z83863	Mycobacterium tuberculosis (strain H37RV) probable aroE	50.8	70.7	shikimate 5-dehydrogenase
1835	5326	1726649	1725483	1167bp	gp:Z83863	Mycobacterium tuberculosis (strain H37RV) hypothetical protein Rv2553c	42.1	70.4	unknown
1836	5327	1727194	1726649	546bp	gp:Z83863	Mycobacterium tuberculosis (strain H37RV) hypothetical protein Rv2554c	53.5	71.3	CMP-2keto-3-deoxyoctulosonic acid synthase
1837	5328	1730072	1727409	2664bp	swissprot: 007438	probable alaS proteinMycobacterium tuberculosis (strain H37RV) alaS	60.0	83.7	alanyl-trna synthetase (ec 6.1.1.7)
1838	5329	1731605	1730190	1416bp	swissprot: Q50739	Mycobacterium tuberculosis (strain H37RV) hypothetical protein Rv2559c	65.4	84.8	unknown
1839	5330	1732846	1731623	1224bp	gp:U80846	Mycobacterium tuberculosis (strain H37RV) ASPS	70.8	88.3	aspartyl-trna synthetase (ec 6.1.1.12)
1840	5331	1734835	1733012	1824bp	swissprot: Q50649	Mycobacterium tuberculosis (strain H37RV) ASPS	45.8	74.6	unknown
1841	5332	1735068	1735970	903bp	swissprot: Q50646	Mycobacterium tuberculosis (strain H37RV) hypothetical protein Rv2575	28.4	59.0	glucan 1,4-alpha-glucosidase (EC 3.2.1.3)
1842	5333	1738703	1738028	2676bp	swissprot: P08640	Saccharomyces cerevisiae MUC1 gene	23.2	54.0	phage infection protein homolog
1843	5334	1740593	1738737	1857bp	swissprot: P32399	Bacillus subtilis yhgE	29.2	62.0	probable transcriptional regulator
1844	5335	1741243	1740596	648bp					
1845	5336	1741337	1741930	594bp	AL079345	Streptomyces coelicolor cosmid E68:SCE68.13			
1846	5337	1741917	1742630	714bp					

【0105】

【表59】

第1-59表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7シ 酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
1847	5338	1742707	1743837	1131bp	gp: AL049707	Streptomyces coelicolor cosmid E15:SCE15.13c.	72.8	88.1	oxidoreductase
1848	5339	1743867	1743992	126bp					
1849	5340	1744049	1744543	495bp	gp: AL049707	Streptomyces coelicolor cosmid E15:SCE15.12c	51.0	77.7	oxidoreductase
1850	5341	1744800	1746254	1455bp	gp: AL031184	Streptomyces coelicolor cosmid 2A11: SC2A11.03c. sdaA	50.1	70.7	L-serine dehydratase
1851	5342	1747978	1746257	1722bp	gp:D90913	Synechocystis sp. PCC6803 ORF_ID:s111085	33.7	61.6	
1852	5343	1749300	1748014	1287bp	gp:Z77724	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2580c, hisS	72.6	90.7	histidyl-trna synthetase
1853	5344	1749987	1749349	639bp	gp:Z77724	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2581c	37.8	63.6	
1854	5345	1750118	1750957	840bp	gp:AL023591	Mycobacterium leprae cosmid B1259; MLCB1259.10c, ppi	45.1	70.3	peptidyl-prolyl cis-trans isomerase
1855	5346	1750988	1751224	237bp					
1856	5347	1751521	1752075	555bp	gp: AF038651	Corynebacterium glutamicum ORF4	99.2	100.0	
1857	5348	1752210	1752551	342bp	gp:				
1858	5349	1754918	1752639	2280bp	gp: AF038651	Corynebacterium glutamicum rel	99.9	99.9	GTP pyrophosphokinase
1859	5350	1755503	1754949	555bp	gp: AF038651	Corynebacterium glutamicum apt	99.5	100.0	adenine phosphoribosyltrans ferase
1860	5351	1757252	1755510	1743bp	gp: Z77724	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2585c	31.4	61.4	lipoprotein
1861	5352	1758821	1757613	1209bp	gp: Z77724	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2586c, secF	46.8	76.5	protein-export membrane protein
1862	5353	1760758	1758827	1932bp	gp: Z77724	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2587c, secD	43.9	71.1	protein-export membrane protein
1863	5354	1760895	1760752	144bp					
1864	5355	1761391	1761029	363bp	gp: AL023591	Mycobacterium leprae cosmid B1259;MLCB1259.04	48.1	72.7	
1865	5356	1762531	1761443	1089bp	gp: Z77724	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2592c, ruvB	75.6	88.9	Holliday junction binding protein, holliday junction dna helicase
1866	5357	1763158	1762541	618bp	gp: Z77724	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2593c, ruvA	46.8	75.9	Holliday junction binding protein, holliday junction dna helicase
1867	5358	1763863	1763201	663bp	gp: Z77724	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2594c, ruvC	80.9	56.9	Holliday junction resolvase

【0106】

【表 60】

第 1-60 表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7ミ/酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
1868	5359	1764766	1764014	753bp	gp: Z98045	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2603c	72.9	92.4	
1869	5360	1765884	1765039	846bp	gp: Z95387	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2605c, tes82	51.3	78.6	acyl-coa thioesterase ii
1870	5361	1765993	1766466	474bp	gp:				
1871	5362	1766972	1766511	462bp	gp: Z96801	Mycobacterium leprae cosmid L581; MLC1581.13c	40.9	67.3	contains PS00893 mutT domain signature
1872	5363	1768054	1766972	1083bp	gp: Z95387	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2610c	49.6	74.0	glycosyltransferase
1873	5364	1769020	1768058	963bp	gp: Z95387	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2611c	53.1	73.8	
1874	5365	1769702	1769046	657bp	gp: Z96801	Mycobacterium leprae cosmid L581; MLC1581.16c	45.5	79.5	CDP-diacylglycerol-glycerol-3-phosphate phosphatidyltransferases
1875	5366	1770403	1769705	699bp	gp: Z96801	Mycobacterium leprae cosmid L581; MLC1581.17c	61.2	85.3	bis(5'-nucleosyl)-tetraphosphatase
1876	5367	1772450	1770351	2100bp	gp: Z95387	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2614c, thrS	87.3	67.7	threonyl-trna synthetase
1877	5368	1773887	1772682	1206bp	gp: AL034355	Streptomyces coelicolor SCD78.30c	37.7	63.8	
1878	5369	1773905	1774468	564bp					
1879	5370	1774452	1773917	546bp					
1880	5371	1775215	1774481	735bp					
1881	5372	1775963	1775874	90bp					
1882	5373	1777128	1777226	99bp					
1883	5374	1779532	1778126	1407bp					
1884	5375	1780192	1779578	615bp					
1885	5376	1780929	1780531	399bp					
1886	5377	1781609	1781043	567bp					
1887	5378	1781871	1782815	945bp					
1888	5379	1785498	1782919	2580bp					
1889	5380	1786869	1785757	1113bp					
1890	5381	1788854	1786932	1923bp					
1891	5382	1789105	1789587	483bp					
1892	5383	1789605	1789793	189bp					
1893	5384	1789771	1790082	312bp					
1894	5385	1790914	1790486	429bp					
1895	5386	1790981	1790859	123bp					
1896	5387	1791867	1792463	597bp					
1897	5388	1792453	1793451	999bp					
1898	5389	1793679	1793521	159bp					
1899	5390	1793739	1794845	1107bp					
1900	5391	1795212	1795096	117bp					
1901	5392	1796211	1797074	864bp					
1902	5393	1797375	1797794	420bp					
1903	5394	1797994	1797875	120bp					
1904	5395	1798782	1798048	735bp					

【0107】

【表 61】

第 1-61 表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7シ 酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
1905	5396	1798670	1798801	132bp					
1906	5397	1799207	1799431	225bp					
1907	5398	1799498	1800391	894bp					
1908	5399	1800629	1800474	156bp					
1909	5400	1800655	1800783	129bp					
1910	5401	1800859	1801332	474bp					
1911	5402	1801369	1802121	753bp					
1912	5403	1802602	1802180	423bp					
1913	5404	1802758	1803444	687bp					
1914	5405	1803490	1803918	429bp					
1915	5406	1804159	1804623	465bp					
1916	5407	1804654	1804890	237bp					
1917	5408	1804944	1805624	681bp					
1918	5409	1805752	1806711	960bp					
1919	5410	1806772	1806924	153bp					
1920	5411	1806942	1807421	480bp					
1921	5412	1807458	1808138	681bp					
1922	5413	1808162	1808446	285bp					
1923	5414	1808446	1808571	126bp					
1924	5415	1808483	1808857	375bp					
1925	5416	1809786	1810397	612bp	gp: Y08993	Alcaligenes sp. pMER610 incomplete unit of mosaic mercury resistance transposon	51.6	77.7	
1926	5417	1810566	1811570	1005bp	gp:				
1927	5418	1811589	1811963	375bp	gp:				
1928	5419	1812240	1812716	477bp	gp: AL079356	Streptomyces coelicolor cosmid 6G9; SC6G9.27	39.0	70.1	protein phosphatase
1929	5420	1812907	1812485	423bp	gp:				
1930	5421	1812906	1813631	726bp	gp:				
1931	5422	1813805	1814542	738bp	gp: AF096293	Streptomyces aureofaciens whiH	37.3	66.8	sporulation transcription factor
1932	5423	1814888	1815676	789bp					
1933	5424	1815698	1816153	456bp					
1934	5425	1816476	1816661	186bp					
1935	5426	1817157	1817828	672bp					
1936	5427	1817828	1818244	417bp					
1937	5428	1818823	1819191	369bp					
1938	5429	1819674	1819784	111bp					
1939	5430	1819979	1819773	207bp					
1940	5431	1822416	1820206	2211bp	gp: AE001775	Thermotoga maritima section 87 of 136	24.9	59.7	
1941	5432	1822602	1824347	1746bp					
1942	5433	1824396	1824614	219bp					
1943	5434	1824809	1824952	144bp					
1944	5435	1825631	1825203	429bp					
1945	5436	1826669	1825776	894bp	gp: X69104	C. glutamicum IS3 related insertion element; ORF2	88.3	95.6	IS3 related insertion element
1946	5437	1826962	1826669	294bp	gp: X69104	C. glutamicum IS3 related insertion element; ORF1	71.4	88.8	IS3 related insertion element
1947	5438	1826952	1827059	108bp					
1948	5439	1826956	1827069	114bp					
1949	5440	1827196	1827288	93bp					

【0108】

【表 62】

第 1-62 表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7シ 酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
1950	5441	1829925	1829713	213bp					
1951	5442	1830790	1832088	1299bp					
1952	5443	1832192	1834069	1878bp					
1953	5444	1834953	1834174	780bp					
1954	5445	1836454	1838349	1896bp					
1955	5446	1838374	1842162	3789bp					
1956	5447	1842260	1842706	447bp					
1957	5448	1842717	1842589	129bp					
1958	5449	1842829	1843362	534bp					
1959	5450	1843543	1845381	1839bp					
1960	5451	1845508	1845882	375bp					
1961	5452	1845897	1846232	336bp					
1962	5453	1846723	1846358	366bp					
1963	5454	1847340	1847957	618bp					
1964	5455	1847963	1848499	537bp					
1965	5456	1848534	1849061	528bp					
1966	5457	1849013	1849810	798bp					
1967	5458	1849806	1849991	186bp					
1968	5459	1850060	1850431	372bp					
1969	5460	1850440	1850003	438bp					
1970	5461	1851074	1850499	576bp					
1971	5462	1851245	1852465	1221bp					
1972	5463	1852504	1853898	1395bp	gp: AF071081	Mycobacterium tuberculosis proline-rich mucin homolog gene	29.7	45.6	
1973	5464	1854013	1854144	132bp					
1974	5465	1854286	1854879	594bp	gp:				
1975	5466	1855083	1855262	180bp	gp:				
1976	5467	1855343	1855224	120bp	gp:				
1977	5468	1855557	1856813	1257bp	gp:				
1978	5469	1856910	1858763	1854bp	gp:				
1979	5470	1858788	1860752	1965bp	gp: AL023861	Streptomyces coelicolor cosmid 3C8;SC3C8.27c. clpA	28.3	59.2	clp protease ATP binding subunit
1980	5471	1860777	1861250	474bp	gp:				
1981	5472	1861345	1861500	156bp	gp:				
1982	5473	1861560	1865324	3765bp	gp: AE001162	Borrelia burgdorferi (section 48 of 70)	23.8	50.1	
1983	5474	1865290	1865847	558bp	gp:				
1984	5475	1865867	1866244	378bp	gp:				
1985	5476	1866353	1866817	465bp	gp:				
1986	5477	1866857	1867120	264bp					
1987	5478	1867123	1867899	777bp	gp: M93187	Arthrobacter sp ORFA	31.8	52.7	beta-ketoadipate succinyl-CoA transferase pseudogene
1988	5479	1867911	1868612	702bp					
1989	5480	1868920	1868696	225bp					
1990	5481	1871117	1868952	2166bp					
1991	5482	1871398	1871126	273bp					
1992	5483	1877911	1871405	6507bp					
1993	5484	1878337	1879425	1089bp	gp: U13922	Corynebacterium glutamicum cgl1H	99.2	99.7	type II 5-cytosine methyltransferase
1994	5485	1879437	1880510	1074bp	gp: U13922	Corynebacterium glutamicum cgl1R	99.7	99.7	type II restriction endonuclease

【0109】

【表 63】

第 1-63 表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7/シ 酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
1995	5486	1880452	1882410	1959bp	gp: U13922	Corynebacterium glutamicum cg11R	99.8	100.0	typel or typelll restriction endonuclease which is stress-sensitive and ATP-dependent
1996	5487	1884015	1882495	1521bp					
1997	5488	1884900	1885007	108bp					
1998	5489	1884961	1884245	717bp					
1999	5490	1885255	1887072	1818bp					
2000	5491	1887430	1887615	186bp					
2001	5492	1888063	1887713	351bp					
2002	5493	1889470	1888256	1215bp					
2003	5494	1891732	1890053	1680bp					
2004	5495	1893062	1891857	1206bp					
2005	5496	1894705	1893413	1293bp					
2006	5497	1897256	1894764	2493bp					
2007	5498	1899183	1897399	1785bp					
2008	5499	1899878	1899258	621bp					
2009	5500	1900941	1899829	1113bp					
2010	5501	1901936	1901091	846bp					
2011	5502	1902008	1902154	147bp					
2012	5503	1902908	1902030	879bp					
2013	5504	1902000	1902980	981bp					
2014	5505	1903053	1903250	198bp					
2015	5506	1905522	1903138	2385bp					
2016	5507	1905901	1905467	435bp					
2017	5508	1906595	1905996	600bp					
2018	5509	1907937	1906687	1251bp					
2019	5510	1908683	1907988	696bp					
2020	5511	1909521	1908808	714bp					
2021	5512	1910531	1909524	1008bp					
2022	5513	1912323	1910665	1659bp					
2023	5514	1913843	1912356	1488bp					
2024	5515	1914394	1913996	399bp					
2025	5516	1916256	1914748	1509bp					
2026	5517	1916397	1916756	360bp					
2027	5518	1916967	1917188	222bp					
2028	5519	1918719	1918612	108bp					
2029	5520	1919484	1918726	759bp					
2030	5521	1920217	1919669	549bp					
2031	5522	1921299	1920370	930bp					
2032	5523	1924019	1924111	93bp					
2033	5524	1926033	1921570	4464bp					
2034	5525	1926155	1926268	114bp					
2035	5526	1926860	1926282	579bp					
2036	5527	1928212	1927268	945bp					
2037	5528	1928234	1928404	171bp					
2038	5529	1928491	1928399	93bp					
2039	5530	1930902	1929082	1821bp					
2040	5531	1931213	1931013	201bp					
2041	5532	1931911	1931444	468bp					
2042	5533	1932338	1931958	381bp					
2043	5534	1932902	1932396	507bp					
2044	5535	1934381	1933545	837bp					
2045	5536	1934968	1934861	108bp					
2046	5537	1935935	1934994	942bp					
2047	5538	1936249	1936872	624bp					
2048	5539	1936897	1936998	102bp					

【0110】

【表64】

第1-64表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7ミ/酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
2049	5540	1937225	1937434	210bp					
2050	5541	1938042	1937509	534bp					
2051	5542	1939087	1938554	534bp					
2052	5543	1938968	1940158	1191bp					
2053	5544	1940280	1940867	588bp					
2054	5545	1941130	1941573	444bp					
2055	5546	1942507	1941755	753bp					
2056	5547	1942533	1942835	303bp					
2057	5548	1943020	1943118	99bp					
2058	5549	1943118	1943333	216bp					
2059	5550	1943703	1944587	885bp					
2060	5551	1945458	1944631	828bp					
2061	5552	1945914	1945618	297bp					
2062	5553	1946355	1945975	381bp					
2063	5554	1947060	1946632	429bp					
2064	5555	1948673	1947093	1581bp					
2065	5556	1951473	1949044	2430bp					
2066	5557	1952508	1951642	867bp					
2067	5558	1954845	1952569	2277bp					
2068	5559	1958310	1956226	2085bp					
2069	5560	1959363	1958473	891bp					
2070	5561	1960219	1959788	432bp gp:					
2071	5562	1961137	1960394	744bp gp:					
2072	5563	1963023	1961137	1887bp gp: X66078 C. glutamicum copI			29.6	54.7	gene for PSI; one of the two major secreted proteins
2073	5564	1963452	1963162	291bp gp:					
2074	5565	1964766	1963537	1230bp gp:					
2075	5566	1965498	1965635	138bp gp:					
2076	5567	1965925	1964750	1176bp gp:					
2077	5568	1966290	1965934	357bp					
2078	5569	1966324	1967007	684bp gp: V01281	S. aureus gene		30.8	57.7	nuclease
2079	5570	1967256	1967140	117bp					
2080	5571	1967458	1967312	147bp					
2081	5572	1967627	1968190	564bp					
2082	5573	1968551	1968444	108bp					
2083	5574	1968287	1969738	1452bp					
2084	5575	1969768	1970226	459bp					
2085	5576	1970277	1971497	1221bp					
2086	5577	1971695	1973113	1419bp					
2087	5578	1973170	1973760	591bp					
2088	5579	1973832	1974227	396bp					
2089	5580	1974290	1974526	237bp					
2090	5581	1975194	1975817	624bp gp: U64096	Shewanella sp ssb		24.9	59.1	FIA single stranded DNA-binding protein
2091	5582	1975939	1976517	579bp					
2092	5583	1976545	1977006	462bp					
2093	5584	1977066	1977572	507bp					
2094	5585	1977765	1978352	588bp					
2095	5586	1978412	1978744	333bp					
2096	5587	1978683	1979240	558bp					
2097	5588	1979262	1979831	570bp					
2098	5589	1979997	1980908	912bp					
2099	5590	1980988	1981680	693bp					
2100	5591	1981686	1982051	366bp					
2101	5592	1982114	1981935	180bp					
2102	5593	1982094	1982840	747bp					
2103	5594	1983046	1982891	156bp					

【0111】



【表65】

第1-65表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (塩基配列)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
2104	5595	1983209	1983571	363bp					
2105	5596	1983634	1983906	273bp					
2106	5597	1983941	1984204	264bp					
2107	5598	1984240	1984473	234bp					
2108	5599	1984410	1984751	342bp					
2109	5600	1985115	1985387	273bp					
2110	5601	1985396	1985094	303bp					
2111	5602	1986613	1985465	1149bp	gp: Z80225	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2659c	32.3	61.8	
2112	5603	1987919	1987530	390bp	gp:				
2113	5604	1988377	1987910	468bp					
2114	5605	1988506	1988393	114bp	gp: X69104	C. glutamicum IS3 related insertion element: ORF1.	80.6	96.8	
2115	5606	1988406	1988612	207bp					
2116	5607	1988687	1988553	135bp	gp: X69104	C. glutamicum IS3 related insertion element: ORF1.	74.4	88.4	
2117	5608	1989628	1988801	828bp	gp: AL109949	Streptomyces coelicolor cosmid J11; SCJ11.12	31.1	53.7	
2118	5609	1990295	1990390	96bp					
2119	5610	1990787	1989897	891bp	D64004	Synechocystis sp. PCC6803 ORF ID: str0516	33.3	69.7	
2120	5611	1991643	1991212	432bp					
2121	5612	1992561	1991818	744bp					
2122	5613	1994144	1992561	1584bp					
2123	5614	1994453	1994328	126bp	gp:				
2124	5615	1994727	1994584	144bp	gp:				
2125	5616	1995317	1994631	687bp	gp:				
2126	5617	1996111	1995806	306bp	gp:				
2127	5618	1996129	1996560	432bp					
2128	5619	1996791	1997135	345bp	gp:				
2129	5620	1997191	1997526	336bp	gp:				
2130	5621	1997568	1998263	696bp	gp: Z80225	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2671, ribD	32.6	64.2	bifunctional pyrimidine deaminase/reductase in pathway of riboflavin synthesis
2131	5622	1998312	1999565	1254bp	gp: Z80225	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2673	43.2	72.8	membrane protein
2132	5623	1999565	1999972	408bp	gp: Z80225	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2674	73.3	85.3	
2133	5624	2000155	1999730	426bp					
2134	5625	2001239	2000544	696bp	gp: Z80225	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2676c	55.2	77.2	
2135	5626	2001512	2002135	624bp					
2136	5627	2001978	2003357	1380bp	gp: AL023702	Streptomyces coelicolor cosmid 1C3; SC1C3.16c	43.5	69.3	

【0112】

【表66】

第1-66表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (73/酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
2137	5628	2005332	2003425	1908bp	gp: Z96072	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2682c, dxs	58.3	82.0	1-DEOXYXYLOSE-5-PHOSPHATE SYNTHASE
2138	5629	2006720	2005485	1236bp	gp: Z96072	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2689c	41.3	69.3	
2139	5630	2006721	2007002	282bp	gp:				
2140	5631	2007680	2006800	861bp	gp: Z96072	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2696c	40.1	65.9	
2141	5632	2008207	2007761	447bp	Z96072	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2697c, dut	64.8	84.8	deoxyuridine 5'-triphosphate nucleotidohydrolase
2142	5633	2008246	2008821	576bp					
2143	5634	2009105	2008899	207bp					
2144	5635	2009079	2009171	93bp					
2145	5636	2009593	2009303	291bp	gp: Z96072	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2699c	58.0	81.0	
2146	5637	2010586	2009747	840bp	gp: Z96072	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2701c, suhB	47.0	73.3	probable extragenic suppressor protein
2147	5638	2010176	2011405	1230bp	gp: U44834	ycobacterium tuberculosis ppgk	54.4	80.6	polyphosphate glucokinase
2148	5639	2011886	2013379	1494bp	gp: Z49822	B. lactofermentum sigA	98.4	98.6	sigma factor
2149	5640	2013998	2014120	123bp					
2150	5641	2015693	2014185	1509bp	gp: AF065404	Bacillus anthracis virulence plasmid PX01; b1tr-spo111C intergenic region	23.8	56.3	
2151	5642	2016144	2015608	537bp	gp:				
2152	5643	2017989	2016280	1710bp	gp: Z74697	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2917	62.9	82.0	
2153	5644	2018225	2017989	237bp	gp: Z96072	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2708c	65.8	85.5	
2154	5645	2018124	2018777	654bp					
2155	5646	2018725	2020299	1575bp	gp: AL035636	Streptomyces coelicolor cosmid H5;SCH5.08c	33.5	62.2	transferase
2156	5647	2020316	2020747	432bp	gp: Z49824	B. lactofermentum orf1	97.2	100.0	
2157	5648	2020814	2021869	1056bp	gp: Z49824	B. lactofermentum sigB	100.0	100.0	sigma factor
2158	5649	2022256	2022972	717bp	gp: L35906	Corynebacterium glutamicum dtxR	98.7	99.6	diphtheria toxin repressor
2159	5650	2022982	2023968	987bp	gp: Z49823	B. lactofermentum galE	97.2	97.7	UDP-galactose 4-epimerase
2160	5651	2025293	2023971	1323bp	gp: Z49823	B. lactofermentum galE	99.4	99.4	UDP-galactose 4-epimerase
2161	5652	2025446	2026402	957bp	gp: Z96072	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2712c	27.7	53.6	
2162	5653	2026517	2029066	2550bp	gp: Z96072	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2714	45.2	79.0	

【0113】

【表67】

第1-67表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (75/酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
2163	5654	2029099	2029188	90bp	gp: Z73966	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2092c, helY	32.9	59.1	helicase
2164	5655	2029200	2030180	981bp	gp: U18263	Mycobacterium avium ahpC	48.0	80.9	alkyl hydroperoxidase C
2165	5656	2031388	2030300	1089bp	gp:	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2560	24.3	47.2	membrane protein
2166	5657	2031501	2035406	3906bp	gp: AL118514	Streptomyces coelicolor cosmid D25; SCD25.28c	51.6	76.1	ATP-dependent helicase
2167	5658	2035903	2035454	450bp	gp: Z96072	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2718c	69.7	88.3	
2168	5659	2036432	2036013	420bp					
2169	5660	2036751	2037530	780bp	gp: AJ224870	Streptomyces clavuligerus dinR	53.8	79.1	putative SOS regulatory protein
2170	5661	2037838	2038614	777bp	gp: AE000394	Escherichia coli ORF_1269	32.5	68.2	
2171	5662	2038614	2039573	960bp					
2172	5663	2041344	2039641	1704bp	gp: AB016285	Bacillus sp. gene	35.4	66.6	phosphotransferase system enzyme I
2173	5664	2041562	2042542	981bp	gp: AL096743	Streptomyces coelicolor cosmid 17:SC17.15	34.0	64.1	transcriptional regulator
2174	5665	2042542	2043531	990bp	gp: M69242	X. campestris fruK	34.9	58.7	1-phosphofructokinase
2175	5666	2043531	2045594	2064bp	gp: Z99111	Bacillus subtilis fruA	37.9	69.9	phosphotransferase system (PTS) fructose-specific enzyme IIBC component
2176	5667	2045785	2046051	267bp	gp: AL009204	Streptomyces coelicolor cosmid 9B10; SC9B10.08c, ptsH	40.7	76.9	phosphocarrier protein hpr
2177	5668	2046700	2046548	153bp					
2178	5669	2047318	2046737	582bp	gp:				
2179	5670	2048629	2047343	1287bp	gp: D90737	Escherichia coli ORF_ID:o22844	47.5	77.2	
2180	5671	2050199	2048673	1527bp	gp: Z98209	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2725c, hfiX	62.5	83.9	GTP binding protein
2181	5672	2050344	2051129	786bp					
2182	5673	2051329	2051865	537bp					
2183	5674	2052698	2051868	831bp	gp: Z98209	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2726c, dapF	52.9	72.3	diaminopimelate epimerase
2184	5675	2053609	2052707	903bp	gp: Z98209	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2727c, miaA	60.3	80.0	trna delta(2)-isopentenylpyrophosphate transferase
2185	5676	2054306	2053632	675bp	gp:				
2186	5677	2054426	2055784	1359bp	gp: Z98209	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2731	48.7	75.8	
2187	5678	2055788	2056810	1023bp	gp: AL022120	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3876	30.6	49.3	

【0114】

【表68】

第1-68表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7ミ/酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
2188	5679	2057871	2057143	729bp	gp: Z98209	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2732c	28.3	65.8	
2189	5680	2059455	2057878	1578bp	gp: Z98209	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2733c	67.1	86.1	
2190	5681	2059773	2060522	750bp	gp: X81191	C. glutamicum gluA	99.6	99.6	glutamate uptake system ATP-binding protein
2191	5682	2060643	2061527	885bp	gp: X81191	C. glutamicum gluB	100.0	100.0	glutamate periplasmic binding protein
2192	5683	2061652	2062335	684bp	gp: X81191	C. glutamicum gluC	99.6	99.6	glutamate permease
2193	5684	2062338	2063282	945bp	gp: X81191	C. glutamicum gluD	99.3	99.6	glutamate permease
2194	5685	2063965	2063321	645bp	gp: AL020958	Streptomyces coelicolor cosmid 4H8; SC4H8.09, recX	35.4	65.8	regulatory protein
2195	5686	2065139	2064012	1128bp	gp: U14965	Corynebacterium glutamicum recA	100.0	100.0	recA protein
2196	5687	2065115	2065231	117bp					
2197	5688	2065231	2065332	102bp					
2198	5689	2065650	2065417	234bp	gp: AL008967	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2738c	40.3	71.6	
2199	5690	2066427	2065690	738bp					
2200	5691	2066472	2067164	693bp	gp: AE001204	Treponema pallidum	39.3	65.7	
2201	5692	2067191	2067889	699bp	gp: AB017508	Bacillus halodurans ybaD	39.9	71.4	ABC transporter (ATP-binding protein)
2202	5693	2067889	2068497	609bp	gp: AB017508	Bacillus halodurans ybaF	24.6	61.4	
2203	5694	2068567	2069415	849bp					
2204	5695	2069406	2068579	828bp	gp: AL008967	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2744c	72.5	89.6	antigen
2205	5696	2069971	2069639	333bp	gp: AL008967	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2745c	54.2	78.3	regulator
2206	5697	2070535	2070020	516bp	gp: AL031031	Streptomyces coelicolor cosmid 7C7; SC7C7.09	43.2	72.2	competence damage induced proteins
2207	5698	2071165	2070542	624bp	gp: AL031031	Streptomyces coelicolor cosmid 7C7; SC7C7.08, pgsA	47.6	75.7	phosphatidylglycero phosphate synthase
2208	5699	2071338	2071622	285bp	gp:				
2209	5700	2071647	2071763	117bp					
2210	5701	2073015	2071822	1194bp	gp: AL035591	Streptomyces coelicolor cosmid C54; SCC54.23c	48.2	76.5	probable integral membrane export protein
2211	5702	2076346	2073317	3030bp	gp: Z94723	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2748c, ftsK	49.3	67.9	
2212	5703	2077047	2076415	633bp	gp: AL096884	Streptomyces coelicolor cosmid 4G6; SC4G6.14	33.3	61.0	

【0115】

【表69】

第1-69表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7ミール)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
2213	5704	2079298	2077145	2154bp	gp: X95649	C. glutamicum ORF4	98.8	99.1	
2214	5705	2080215	2079304	912bp	gp: Z21502	B. lactofermentum dapA	100.0	100.0	dihydrodipicolinate synthase
2215	5706	2081159	2080410	750bp	gp: Z21502	dapB-dapA intergenic region hypothetical 28.0 kd protein	99.2	99.6	unknown
2216	5707	2081957	2081214	744bp	gp: X67737	C. glutamicum dapB	100.0	100.0	dihydrodipicolinate reductase
2217	5708	2082391	2082128	264bp					
2218	5709	2082138	2082836	699bp					
2219	5710	2085213	2082955	2259bp	gp:	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2783c, gps1	69.9	87.6	guanosine pentaphosphate synthetase and polyribonucleotide nucleotidyltransfer ase
2220	5711	2085725	2085459	267bp	gp: AL008967	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2785c, rps0	78.7	93.3	30s ribosomal protein S15
2221	5712	2086849	2085902	948bp	gp: AL009198	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3393	35.2	65.4	nucleoside hydrolase
2222	5713	2087964	2086942	1023bp	gp: D37967	Corynebacterium ammoniaenes gene	56.7	79.1	FAD synthetase
2223	5714	2087996	2088886	891bp	gp: AL008967	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2793c	51.7	78.6	tRNA modification enzyme
2224	5715	2089891	2089241	651bp	gp: AL008967	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2794c	47.9	68.8	
2225	5716	2090687	2089884	804bp	gp: AL008967	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2795c	48.6	71.2	
2226	5717	2092129	2090774	1356bp	gp: Z81331	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2836c, dinF	51.5	79.2	dna-damage- inducible protein f
2227	5718	2093069	2092074	996bp	gp: Z81331	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2837c	37.6	72.0	
2228	5719	2093524	2093078	447bp	gp: AL035472	Mycobacterium leprae cosmid B596; MLCB596.15, rbfA	60.0	77.9	ribosome-binding factor A
2229	5720	2096746	2093735	3012bp	gp: Z81331	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2839c, infB	70.0	85.2	initiation factor IF-2
2230	5721	2097202	2096867	336bp	gp: Z81331	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2840c	44.4	67.9	
2231	5722	2098413	2097403	1011bp	gp: Z95207	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2841c, nuaA	57.9	84.5	n-utilization substance protein
2232	5723	2098968	2098435	534bp	gp: Z95207	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2842c	34.9	66.4	
2233	5724	2098585	2099838	1254bp					

【0116】

【表70】

第1-70表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7ミ/酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
2234	5725	2100263	2101864	1602bp	gp: AL022121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3666c, dppA	51.4	74.8	peptidetransport system secreted peptide-binding protein
2235	5726	2102046	2102969	924bp	gp: AL022121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3665c, dppB	65.1	87.8	peptidetransport system permease
2236	5727	2102965	2103996	1032bp	gp: AL022121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3664c, dppC	56.5	85.9	peptidetransport system permease
2237	5728	2103996	2105726	1731bp	gp: AL022121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3663c, dppD	57.6	81.3	peptidetransport system ABC-transporter ATP-binding protein
2238	5729	2107650	2105824	1827bp	gp: Z95207	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2845c, proS	67.0	84.6	prolyl-trna synthetase (ec 6.1.1.15)
2239	5730	2107612	2108409	798bp	gp: Z36940	C. jejuni hip0	29.7	60.7	hippuricase
2240	5731	2109170	2108412	759bp	gp: Z95207	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2850c	42.9	71.4	magnesium-chelatase
2241	5732	2110278	2109178	1101bp	gp: Z95207	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2850c	61.7	82.7	magnesium-chelatase
2242	5733	2111248	2110457	792bp	gp: Z95207		48.2	76.1	multifunctional enzyme, siroheme synthase containing uroporphyrin-iii c-methyltransferase
2243	5734	2111261	2112682	1422bp	gp: D10248	Clostridium perfringens genes for ORF2	40.9	68.2	phospholipase C
2244	5735	2113657	2112740	918bp	gp: AL049863	Streptomyces coelicolor cosmid SH1; SC5H1.10c	33.6	63.1	
2245	5736	2115485	2113887	1599bp	gp: AJ224946	Corynebacterium glutamicum	100.0	100.0	L-Malate:quinone oxidoreductase
2246	5737	2115775	2116797	1023bp	gp: Z95207	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2854	38.1	66.4	
2247	5738	2116888	2118333	1446bp	gp: Z95207	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2855, gorA	53.4	77.8	Glutathione reductase
2248	5739	2116630	2119103	474bp					
2249	5740	2119162	2119518	357bp					
2250	5741	2119651	2120379	729bp					
2251	5742	2121263	2120382	882bp	gp: AL008883	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2861c, map	69.8	85.4	methionineaminopeptidase
2252	5743	2123184	2121319	1866bp	gp: AL008883	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2864c	40.6	71.5	penicillin binding protein

【0117】

【表71】

第1-71表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (シ 酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
2253	5744	2123871	2123242	630bp	gp: AF161327	Corynebacterium diphtheriae chrA	43.8	74.3	response regulator of two component signal transduction system, activates transcription of the hmu0 gene in response to heme
2254	5745	2125019	2123871	1149bp	gp: AF161327	Corynebacterium diphtheriae chrS	32.2	60.0	histidine kinase, heme sensor protein of two-component signal transduction system
2255	5746	2125112	2126068	957bp					
2256	5747	2126455	2126339	117bp					
2257	5748	2126087	2126776	690bp	gp: AL021999	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0986	36.7	72.6	ABC transporter, ATP-binding protein
2258	5749	2127110	2126949	162bp					
2259	5750	2128605	2127373	1233bp	gp: AL008883	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2868c, gcpE	82.6	93.8	essential gene of unknown function
2260	5751	2129903	2128692	1212bp	gp: AL008883	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2869c	43.0	73.6	
2261	5752	2131101	2129926	1176bp	gp: Z74024	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2870c	61.2	80.2	
2262	5753	2131364	2131173	192bp					
2263	5754	2131749	2131270	480bp	gp:				
2264	5755	2131345	2131785	441bp	gp:				
2265	5756	2133425	2131848	1578bp	gp: Z74024				
2266	5757	2134283	2133429	855bp	gp: AE001747	Thermotoga maritima section 59 of 136	38.0	75.9	
2267	5758	2135574	2134477	1098bp	gp: AL031035	Streptomyces coelicolor cosmid 6A9: SC6A9_22c	60.1	79.2	
2268	5759	2135667	2136164	498bp	gp: AL022121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3760	44.3	77.3	
2269	5760	2137148	2136258	891bp	gp: Z74024	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2881c, cdsA	50.5	77.7	phosphatidate cytidyltransferase
2270	5761	2137863	2137309	555bp	gp: Z74024	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2882c, ffr	60.5	88.6	ribosome recycling factor
2271	5762	2138720	2137959	762bp	gp: Z74024	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2883c, pyrH	75.1	92.7	uridylyl transferase
2272	5763	2139017	2139877	861bp					
2273	5764	2139850	2139026	825bp	gp: Z74024	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2889c, tsf	64.4	85.1	elongation factor tsf
2274	5765	2140909	2140094	816bp	gp: Z74024	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2890, rpsB	70.1	88.3	30s ribosomal protein s2

【0118】

【表72】

第1-72表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (73/酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
2275	5766	2141280	2141783	504bp	gp: Z74024	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2891	45.9	66.7	
2276	5767	2142793	2141786	1008bp	gp: Z97369	Mycobacterium leprae cosmid B250; MLCB250.62, xerC	50.5	75.6	integrase/recombinase
2277	5768	2143191	2143355	165bp					
2278	5769	2144089	2142908	1182bp	gp: Z74024	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2896c	39.8	66.8	
2279	5770	2145729	2144089	1641bp	gp: Z74024	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2897c, yifB	46.6	75.8	
2280	5771	2145964	2145599	366bp	gp: Z74024	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2898c	41.9	71.8	
2281	5772	2146589	2146287	303bp	gp: Z74024	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2901c	68.3	96.0	
2282	5773	2147254	2146589	666bp	gp: Z74024	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2902c, rnhB	56.7	80.6	ribonuclease HII
2283	5774	2147254	2148045	792bp					
2284	5775	2148069	2147284	786bp	gp: Z97369	Mycobacterium leprae cosmid B250; MLCB250.39, lepB	48.6	74.7	signal peptidase I
2285	5776	2148174	2148079	96bp					
2286	5777	2148119	2149189	1071bp	gp: Z99108	Bacillus subtilis yfiY	29.8	65.4	
2287	5778	2149594	2149382	213bp					
2288	5779	2150040	2149657	384bp	gp: Z74024	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2904c, rplS	78.8	89.4	50S ribosomal protein L19
2289	5780	2150154	2151020	867bp	gp: AE000960	Archaeoglobus fulgidus section 147 of 172 of the complete genome	34.0	67.0	
2290	5781	2151020	2152141	1122bp	gp: AL109661	Streptomyces coelicolor cosmid 6E10; SC6E10.01	35.0	65.8	oxidoreductase
2291	5782	2152113	2152352	240bp	gp: AL109661	Streptomyces coelicolor cosmid 6E10; SC6E10.02	59.5	89.2	
2292	5783	2152357	2153136	780bp	gp: AL109661	Streptomyces coelicolor cosmid 6E10; SC6E10.03, thiG	68.3	86.2	thiazole biosynthesis protein
2293	5784	2153081	2154214	1134bp	gp: Z95150	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3116, moeB	38.7	67.7	involved in molybdopterin metabolism
2294	5785	2156756	2154483	2274bp	gp: AL049587	Streptomyces coelicolor cosmid 5F2A; SC5F2A.26c	62.9	84.1	transcriptional accessory protein
2295	5786	2157750	2156770	981bp	gp: Y09476	B. subtilis DegA	27.7	66.3	
2296	5787	2159204	2157777	1428bp	gp: Z99108	Bacillus subtilis complete genome (section 5 of 21)	52.0	81.8	oxoglutarate/malate translocator
2297	5788	2160560	2159310	1251bp	gp:				

【0119】



【表73】

第1-73表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (73)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
2298	5789	2160693	2160791	99bp	gp: AF031417	<i>Pseudomonas putida</i> ttgB	38.5	66.8	3-carboxy-cis, cis- muconate cycloisomerase
2299	5790	2161526	2161134	393bp	gp:				
2300	5791	2162219	2161530	690bp					
2301	5792	2163157	2162219	939bp	gp: Z74024	<i>Mycobacterium</i> tuberculosis H37Rv Rv2906c, trmD	55.2	73.9	trna m1G methyltransferase
2302	5793	2163121	2163768	648bp	gp:				
2303	5794	2164493	2163771	723bp	gp: Z97369	<i>Mycobacterium</i> leprae cosmid B250; MLC8250.34	52.3	72.1	
2304	5795	2164413	2164760	348bp	gp:				
2305	5796	2165371	2164838	534bp	gp: Z74024	<i>Mycobacterium</i> tuberculosis H37Rv Rv2909c, rpsP	65.6	82.2	ribosomal protein S16
2306	5797	2165546	2166121	576bp	gp:				
2307	5798	2167013	2166147	867bp	gp: AF093787	<i>Streptococcus</i> agalactiae cylB gene cluste	26.5	69.1	ABC transporter
2308	5799	2167924	2167013	912bp	gp: AP000004	<i>Pyrococcus</i> horikoshii OT3 genomic DNA, 777001-994000 nt	40.0	69.0	
2309	5800	2169607	2167967	1641bp	gp: Z74697	<i>Mycobacterium</i> tuberculosis H37Rv Rv2916c, ffh	69.0	84.4	signal recognition particle protein
2310	5801	2171764	2169689	2076bp	gp: AJ010319	<i>Corynebacterium</i> glutamicum glnD	100.0	100.0	uridyllyltransfera se, uridyllyl- removing enzyme
2311	5802	2171738	2172154	417bp	gp:				
2312	5803	2172124	2171774	351bp	gp: AJ010319	<i>Corynebacterium</i> glutamicum glnB	100.0	100.0	signals cellular nitrogen status
2313	5804	2173538	2172177	1362bp	gp: AJ010319	<i>Corynebacterium</i> glutamicum amtP	100.0	100.0	low affinity ammonium uptake protein
2314	5805	2175563	2173782	1782bp	gp: Z74697	<i>Mycobacterium</i> tuberculosis H37Rv Rv2921c, ftsY	61.0	82.8	cell division protein
2315	5806	2176069	2175911	159bp					
2316	5807	2179525	2176133	3393bp	gp: AF116463	<i>Streptomyces</i> lincolnensis wdlA	27.7	48.9	regulatory protein
2317	5808	2183115	2179651	3465bp	gp: Z74697	<i>Mycobacterium</i> tuberculosis H37Rv Rv2922c, smc	48.5	72.7	chromosome segregation protein
2318	5809	2183414	2183133	282bp					
2319	5810	2185281	2183428	1854bp	gp:				
2320	5811	2186231	2185374	858bp	gp: AL031541	<i>Streptomyces</i> coelicolor cosmid 135; SC135.38c	30.3	59.6	transcriptional regulator
2321	5812	2186235	2187152	918bp	gp: Z96801	<i>Mycobacterium</i> leprae cosmid L581; MLCL581.28c	40.8	71.0	membrane protein
2322	5813	2187183	2187365	183bp	gp:				
2323	5814	2187702	2187256	447bp					

【0120】

【表 7 4】

第 1-74 表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7シ酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
2324	5815	2188329	2187715	615bp	gp: formamidopyrimidine- dna glycosylase	D. nodosus gep8	46.8	76.6	
2325	5816	2189283	2188336	948bp	gp: Z74697	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2924c	54.1	75.9	formamidopyrimidine- dna glycosylase
2326	5817	2189929	2189189	741bp	gp: Z74697	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2925c	56.0	76.1	RNase III
2327	5818	2190462	2189929	534bp	gp: Z74697	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2926c	35.8	62.5	
2328	5819	2191351	2190563	789bp	gp: Z74697	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2927c	50.4	77.7	
2329	5820	2191478	2191582	105bp					
2330	5821	2191545	2193188	1644bp	gp: D88688	Barophilic bacterium DNA for pressure regulated cluster gene	24.6	58.9	pressure regulated cluster gene
2331	5822	2193188	2194717	1530bp	gp: AL034355	Streptomyces coelicolor cosmid D78;SCD78. 14, cydCD,	29.0	61.7	ABC transporter
2332	5823	2196141	2194765	1377bp	gp: X72855	C. glutamicum gdhA	100.0	100.0	glutamate dehydrogenase
2333	5824	2196527	2196438	90bp					
2334	5825	2196922	2196830	93bp					
2335	5826	2196807	2198027	1221bp	gp: AL035161	Streptomyces coelicolor cosmid 9C7; SC9C7. 02	38.6	64.7	
2336	5827	2198470	2198030	441bp	gp:				
2337	5828	2198456	2199781	1326bp	gp: AE001754	Thermotoga maritima section 66 of 136	29.9	57.1	
2338	5829	2199831	2201093	1263bp	gp: AL118515	Streptomyces coelicolor cosmid D17;SCD17. 07c.	45.4	71.4	thermostable carboxypeptidase (EC 3. 4. 17. -)
2339	5830	2201431	2201096	336bp	gp:				
2340	5831	2201607	2201473	135bp	gp:				
2341	5832	2201892	2201617	276bp					
2342	5833	2204564	2202015	2550bp	gp: Z73902	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1328, glgP	48.3	73.8	glycogen phosphorylase
2343	5834	2205513	2204614	900bp	gp: Z99108	Bacillus subtilis yfiE	33.6	66.1	
2344	5835	2207121	2205691	1431bp					
2345	5836	2208281	2207325	957bp					
2346	5837	2208395	2208496	102bp					
2347	5838	2209190	2208390	801bp					
2348	5839	2209911	2209255	657bp					
2349	5840	2210296	2209943	354bp					
2350	5841	2211087	2210296	792bp					
2351	5842	2211898	2211074	825bp					
2352	5843	2212642	2211905	738bp					
2353	5844	2213296	2212664	633bp					

【0121】

【表75】

第1-75表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7シ 酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
2354	5845	2215657	2214344	1314bp					
2355	5846	2215886	2215662	225bp					
2356	5847	2216497	2215892	606bp					
2357	5848	2217614	2216517	1098bp					
2358	5849	2219023	2217623	1401bp					
2359	5850	2219182	2220381	1200bp					
2360	5851	2221132	2220482	651bp					
2361	5852	2221851	2221210	642bp					
2362	5853	2221634	2221942	309bp					
2363	5854	2221969	2222541	573bp					
2364	5855	2222551	2225058	2508bp					
2365	5856	2225172	2225972	801bp					
2366	5857	2226786	2226013	774bp					
2367	5858	2227802	2226792	1011bp					
2368	5859	2227929	2228924	996bp					
2369	5860	2229919	2229122	798bp					
2370	5861	2230960	2229923	1038bp					
2371	5862	2231317	2230970	348bp					
2372	5863	2231955	2231362	594bp					
2373	5864	2232479	2232039	441bp					
2374	5865	2232666	2234093	1428bp					
2375	5866	2234181	2234786	606bp					
2376	5867	2234875	2237307	2433bp					
2377	5868	2237354	2238376	1023bp					
2378	5869	2238501	2238629	129bp					
2379	5870	2239115	2238717	399bp					
2380	5871	2240065	2239868	198bp					
2381	5872	2240269	2240081	189bp					
2382	5873	2240586	2239531	1056bp					
2383	5874	2240647	2241747	1101bp					
2384	5875	2242138	2241761	378bp					
2385	5876	2242382	2242152	231bp					
2386	5877	2243066	2242416	651bp					
2387	5878	2243013	2244842	1830bp					
2388	5879	2246194	2244887	1308bp					
2389	5880	2246473	2246318	156bp					
2390	5881	2246409	2246915	507bp					
2391	5882	2248231	2247029	1203bp					
2392	5883	2251962	2248381	3582bp					
2393	5884	2252040	2252879	840bp					
2394	5885	2253215	2253682	468bp					
2395	5886	2253682	2254665	984bp					
2396	5887	2255590	2254706	885bp					
2397	5888	2257804	2257709	96bp					
2398	5889	2258412	2255761	2652bp					
2399	5890	2259335	2258385	951bp					
2400	5891	2260022	2259444	579bp					
2401	5892	2260954	2260025	930bp					
2402	5893	2261574	2260957	618bp					
2403	5894	2261711	2262712	1002bp					
2404	5895	2262873	2264522	1650bp					
2405	5896	2265131	2264532	600bp					
2406	5897	2265019	2265321	303bp					
2407	5898	2265443	2266417	975bp					
2408	5899	2268371	2266920	1452bp					
2409	5900	2269268	2268411	858bp					
2410	5901	2270284	2269283	1002bp					
2411	5902	2270327	2270458	132bp					

【0122】

【表76】

第1-76表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (731- 酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
2412	5903	2270907	2270281	627bp					
2413	5904	2274199	2271011	3189bp					
2414	5905	2274711	2274496	216bp					
2415	5906	2275884	2274790	1095bp					
2416	5907	2276660	2276376	285bp					
2417	5908	2277359	2276904	456bp					
2418	5909	2278251	2277439	813bp					
2419	5910	2278882	2278145	738bp					
2420	5911	2280238	2278913	1326bp					
2421	5912	2281158	2280493	666bp					
2422	5913	2282712	2281189	1524bp					
2423	5914	2283799	2282684	1116bp					
2424	5915	2285454	2283805	1650bp					
2425	5916	2286875	2285460	1416bp					
2426	5917	2287982	2286885	1098bp					
2427	5918	2289533	2287992	1542bp					
2428	5919	2291108	2289546	1563bp					
2429	5920	2293346	2291235	2112bp					
2430	5921	2294140	2293346	795bp					
2431	5922	2295150	2294140	1011bp					
2432	5923	2295827	2295399	429bp					
2433	5924	2296244	2296095	150bp					
2434	5925	2296350	2296210	141bp					
2435	5926	2296921	2296535	387bp					
2436	5927	2297676	2297254	423bp					
2437	5928	2298275	2298144	132bp					
2438	5929	2297889	2298461	573bp					
2439	5930	2299520	2298474	1047bp					
2440	5931	2299547	2300659	1113bp					
2441	5932	2300672	2302198	1527bp					
2442	5933	2302642	2302274	369bp					
2443	5934	2302202	2302708	507bp					
2444	5935	2302784	2305003	2220bp					
2445	5936	2305006	2306241	1236bp					
2446	5937	2306304	2307644	1341bp					
2447	5938	2309117	2307720	1398bp					
2448	5939	2309705	2309196	510bp					
2449	5940	2309840	2312275	2436bp					
2450	5941	2312359	2313831	1473bp					
2451	5942	2313856	2314059	204bp					
2452	5943	2314115	2313939	177bp					
2453	5944	2314239	2314135	105bp					
2454	5945	2315521	2314259	1263bp					
2455	5946	2316501	2315701	801bp					
2456	5947	2316503	2316631	129bp					
2457	5948	2317573	2316605	969bp					
2458	5949	2318798	2317656	1143bp	gp: AL049497	Streptomyces coelicolor cosmid 6G10; SC6G10.05c	50.1	75.7	
2459	5950	2319873	2318827	1047bp	gp: AL021957	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2190c	30.2	62.2	
2460	5951	2320617	2319991	627bp	gp: AL022602	Mycobacterium leprae cosmid B268; MLCB268.32c	34.9	59.8	
2461	5952	2323111	2321495	1617bp	gp: Z70283	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2196, qcrB	63.1	86.3	integral membrane protein

【0123】

【表77】

第1-77表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7ミ/酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
2462	5953	2324391	2323111	1281bp	gp: Z70283	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2195, qcrA	51.3	73.0	cytochrome b6-F complex iron-sulphur subunits (Rieske iron-sulfur protein)
2463	5954	2325272	2324334	939bp	gp: Z70283	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2194, qcrC	58.6	83.1	cytochrome c family
2464	5955	2325946	2325296	651bp	gp: AL022602	Mycobacterium leprae cosmid B268:MLC8268.35 ctaE	61.5	86.8	cytochrome c oxidase subunit III
2465	5956	2326296	2326144	153bp					
2466	5957	2326923	2326495	429bp	gp: Z70283	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2199c	38.6	71.0	
2467	5958	2328047	2326944	1104bp	gp: AF009357	Mycobacterium tuberculosis coxII	47.8	74.7	cytochrome C oxidase subunit II
2468	5959	2328463	2328579	117bp					
2469	5960	2328539	2330458	1920bp	gp: Z70283	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2201, asnB	62.7	82.5	asparagine synthetase
2470	5961	2330950	2330609	342bp	gp: Z70283	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2204c	76.8	93.8	
2471	5962	2331193	2331990	798bp	gp: Z98741	Mycobacterium leprae cosmid B22: MLC822.07	35.0	60.2	
2472	5963	2331997	2332518	522bp	gp: AL021929	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0254c, cobU	47.5	71.8	cobinamide kinase
2473	5964	2332535	2333623	1089bp	gp: Z70283	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2207, cobT	54.7	82.4	phosphoribosyltransferase
2474	5965	2333638	2334558	921bp					
2475	5966	2334740	2334504	237bp	gp: Z70283	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2208, cobS	31.0	59.2	cobalamin (5'-phosphate) synthase
2476	5967	2335827	2335051	777bp	gp: Z77162	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0484c	53.6	82.0	oxidoreductase
2477	5968	2337074	2335938	1137bp	gp: AL031124	Streptomyces coelicolor cosmid IC2:SC1C2.04, ilvE	58.9	83.3	branched-chain amino acid aminotransferase
2478	5969	2337219	2338757	1539bp	gp: Z70283	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2213, pepA	47.5	72.8	aminopeptidases
2479	5970	2339163	2338771	393bp					
2480	5971	2339292	2341316	2025bp					
2481	5972	2341381	2342187	807bp					
2482	5973	2342327	2343370	1044bp					
2483	5974	2343412	2344281	870bp					
2484	5975	2344454	2346070	1617bp					
2485	5976	2347919	2346312	1608bp					
2486	5977	2348589	2348101	489bp					
2487	5978	2348852	2350282	1431bp					
2488	5979	2350643	2350431	213bp					
2489	5980	2351333	2350935	399bp					

【0124】

【表78】

第1-78表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (ミソ)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
2490	5981	2351932	2351333	600bp					
2491	5982	2351045	2352019	975bp					
2492	5983	2351946	2352851	906bp					
2493	5984	2352856	2353248	393bp					
2494	5985	2353408	2353497	90bp					
2495	5986	2355107	2353623	1485bp					
2496	5987	2355179	2355421	243bp					
2497	5988	2355463	2355203	261bp					
2498	5989	2355544	2356866	1323bp					
2499	5990	2356817	2357377	561bp					
2500	5991	2357507	2357313	195bp					
2501	5992	2357350	2357730	381bp					
2502	5993	2357749	2358153	405bp					
2503	5994	2358718	2358176	543bp					
2504	5995	2359499	2358795	705bp					
2505	5996	2361267	2361356	90bp					
2506	5997	2362771	2359637	3135bp					
2507	5998	2364268	2362841	1428bp					
2508	5999	2364375	2365478	1104bp					
2509	6000	2365610	2367436	1827bp					
2510	6001	2367675	2367496	180bp					
2511	6002	2367784	2369106	1323bp					
2512	6003	2370653	2369139	1515bp					
2513	6004	2372580	2371435	1146bp					
2514	6005	2372584	2373312	729bp					
2515	6006	2373312	2372596	717bp					
2516	6007	2374485	2373346	1140bp					
2517	6008	2374540	2375220	681bp					
2518	6009	2375210	2375707	498bp					
2519	6010	2375745	2376743	999bp					
2520	6011	2377413	2377021	393bp					
2521	6012	2377519	2377662	144bp					
2522	6013	2377749	2377507	243bp					
2523	6014	2377790	2378299	510bp					
2524	6015	2378315	2378512	198bp					
2525	6016	2379335	2378907	429bp					
2526	6017	2379996	2382767	2772bp					
2527	6018	2383638	2382850	789bp					
2528	6019	2384532	2383645	888bp					
2529	6020	2385521	2384532	990bp					
2530	6021	2386307	2385936	372bp					
2531	6022	2385794	2386603	810bp					
2532	6023	2387650	2386637	1014bp					
2533	6024	2387690	2387980	291bp					
2534	6025	2388020	2388844	825bp					
2535	6026	2388861	2389892	1032bp					
2536	6027	2390927	2390457	471bp					
2537	6028	2392031	2391207	825bp					
2538	6029	2392589	2392098	492bp					
2539	6030	2393372	2392602	771bp					
2540	6031	2393448	2393993	546bp					
2541	6032	2394460	2393996	465bp					
2542	6033	2394617	2394958	342bp					
2543	6034	2395227	2396786	1560bp					
2544	6035	2397145	2397264	120bp					
2545	6036	2397194	2399122	1929bp					
2546	6037	2399181	2399420	240bp					
2547	6038	2401371	2399428	1944bp					

【0125】

【表79】

第1-79表

配列 番号 (塩 基配 列)	配列番 号(7ミ 酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
2548	6039	2401366	2401857	492bp					
2549	6040	2401861	2402103	243bp					
2550	6041	2404041	2402167	1875bp					
2551	6042	2404378	2404208	171bp					
2552	6043	2406281	2405010	1272bp					
2553	6044	2406959	2406285	675bp					
2554	6045	2406829	2406987	159bp					
2555	6046	2406968	2409052	2085bp					
2556	6047	2409307	2409176	132bp					
2557	6048	2409791	2409648	144bp					
2558	6049	2410287	2409802	486bp					
2559	6050	2410884	2410303	582bp					
2560	6051	2412361	2410979	1383bp					
2561	6052	2412603	2412971	369bp					
2562	6053	2413143	2413012	132bp					
2563	6054	2413015	2413446	432bp					
2564	6055	2413398	2413150	249bp					
2565	6056	2413591	2415141	1551bp					
2566	6057	2415258	2415154	105bp					
2567	6058	2416391	2415321	1071bp					
2568	6059	2417122	2416394	729bp					
2569	6060	2417970	2417245	726bp					
2570	6061	2418987	2417992	996bp					
2571	6062	2420332	2419013	1320bp					
2572	6063	2420923	2420336	588bp					
2573	6064	2421972	2420923	1050bp					
2574	6065	2422720	2421998	723bp					
2575	6066	2423868	2422723	1146bp					
2576	6067	2424963	2423938	1026bp					
2577	6068	2426127	2424988	1140bp					
2578	6069	2426204	2426722	519bp					
2579	6070	2427491	2426799	693bp					
2580	6071	2428207	2427830	378bp					
2581	6072	2430063	2428207	1857bp					
2582	6073	2430319	2432436	2118bp					
2583	6074	2432531	2434393	1863bp					
2584	6075	2434642	2434463	180bp					
2585	6076	2434799	2434596	204bp					
2586	6077	2436861	2434828	2034bp					
2587	6078	2436943	2436854	90bp					
2588	6079	2436894	2438072	1179bp					
2589	6080	2438079	2439929	1851bp					
2590	6081	2439929	2441017	1089bp					
2591	6082	2441612	2441028	585bp					
2592	6083	2441692	2441913	222bp					
2593	6084	2443379	2441625	1755bp					
2594	6085	2444038	2443379	660bp					
2595	6086	2444574	2444056	519bp					
2596	6087	2444629	2445732	1104bp					
2597	6088	2445739	2447016	1278bp					
2598	6089	2447044	2448021	978bp					
2599	6090	2450195	2448351	1845bp					
2600	6091	2450867	2450346	522bp					
2601	6092	2451808	2450882	927bp					
2602	6093	2454660	2451817	2844bp					
2603	6094	2454839	2454660	180bp					
2604	6095	2454652	2455458	807bp					
2605	6096	2455756	2455475	282bp					

【0126】

【表 80】

第 1-80 表

配列 番号 (塩 基配 列)	配列番 号(ミ ズ)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
2606	6097	2457089	2455743	1347bp					
2607	6098	2457782	2457360	423bp					
2608	6099	2457886	2459394	1509bp					
2609	6100	2459394	2460359	966bp					
2610	6101	2460363	2461190	828bp					
2611	6102	2461123	2462622	1500bp					
2612	6103	2463173	2462625	549bp					
2613	6104	2463264	2464166	903bp					
2614	6105	2464292	2464182	111bp					
2615	6106	2464401	2464508	108bp					
2616	6107	2464367	2465791	1425bp					
2617	6108	2467032	2466061	972bp					
2618	6109	2467100	2467945	846bp					
2619	6110	2470154	2467948	2217bp					
2620	6111	2470202	2470300	99bp					
2621	6112	2470715	2472058	1344bp					
2622	6113	2472273	2472842	570bp					
2623	6114	2473575	2472916	660bp					
2624	6115	2473649	2475565	1917bp					
2625	6116	2476141	2475863	279bp					
2626	6117	2476520	2477515	996bp					
2627	6118	2477667	2479274	1608bp					
2628	6119	2479402	2479785	384bp					
2629	6120	2481231	2479921	1311bp					
2630	6121	2481757	2481236	522bp					
2631	6122	2482503	2481757	747bp					
2632	6123	2484436	2482571	1866bp					
2633	6124	2484684	2485292	609bp					
2634	6125	2485496	2485756	261bp					
2635	6126	2486492	2485824	669bp					
2636	6127	2486952	2486500	453bp					
2637	6128	2487925	2486933	993bp					
2638	6129	2489596	2487935	1662bp					
2639	6130	2490246	2489596	651bp					
2640	6131	2491134	2490313	822bp					
2641	6132	2490934	2491755	822bp					
2642	6133	2491881	2491174	708bp					
2643	6134	2492366	2491896	471bp					
2644	6135	2493201	2492524	678bp					
2645	6136	2494260	2493238	1023bp					
2646	6137	2495657	2494362	1296bp					
2647	6138	2496630	2495719	912bp					
2648	6139	2498171	2496693	1479bp					
2649	6140	2499534	2498032	1503bp					
2650	6141	2499686	2501692	2007bp					
2651	6142	2502672	2501758	915bp					
2652	6143	2502758	2503378	621bp					
2653	6144	2503893	2504288	396bp					
2654	6145	2504270	2504007	264bp					
2655	6146	2504625	2504323	303bp					
2656	6147	2507916	2504854	3063bp					
2657	6148	2508117	2508863	747bp					
2658	6149	2508891	2509553	663bp					
2659	6150	2510853	2509546	1308bp					
2660	6151	2511069	2511446	378bp					
2661	6152	2511450	2511899	450bp					
2662	6153	2512379	2511972	408bp					
2663	6154	2512791	2512432	360bp					

【0127】



【表 81】

第 1-81 表

配列 番号 (塩 基配 列)	配列番 号(7ミ 酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
2664	6155	2512826	2513167	342bp					
2665	6156	2513686	2513177	510bp					
2666	6157	2514137	2513715	423bp					
2667	6158	2515657	2514137	1521bp					
2668	6159	2518368	2515660	2709bp					
2669	6160	2520100	2518421	1680bp					
2670	6161	2520232	2521683	1452bp					
2671	6162	2522274	2521690	585bp					
2672	6163	2523394	2522288	1107bp					
2673	6164	2523584	2524360	777bp					
2674	6165	2524938	2524363	576bp					
2675	6166	2525122	2526249	1128bp					
2676	6167	2526256	2527230	975bp					
2677	6168	2527158	2528582	1425bp					
2678	6169	2529503	2528574	930bp					
2679	6170	2530832	2529507	1326bp					
2680	6171	2530914	2531999	1086bp					
2681	6172	2532624	2531992	633bp					
2682	6173	2533643	2532627	1017bp					
2683	6174	2533414	2534205	792bp					
2684	6175	2534224	2535447	1224bp					
2685	6176	2535453	2536205	753bp					
2686	6177	2536219	2538279	2061bp					
2687	6178	2538636	2538271	366bp					
2688	6179	2539823	2538639	1185bp					
2689	6180	2540343	2539732	612bp					
2690	6181	2541110	2540358	753bp					
2691	6182	2542373	2541210	1164bp					
2692	6183	2542825	2542535	291bp					
2693	6184	2544022	2542841	1182bp					
2694	6185	2544899	2544045	855bp					
2695	6186	2545091	2544951	141bp					
2696	6187	2545182	2546807	1626bp					
2697	6188	2546850	2547341	492bp					
2698	6189	2547356	2548891	1536bp					
2699	6190	2548891	2549718	828bp					
2700	6191	2549794	2552478	2685bp					
2701	6192	2552490	2553965	1476bp					
2702	6193	2554049	2555290	1242bp					
2703	6194	2555963	2555340	624bp					
2704	6195	2556603	2556001	603bp					
2705	6196	2556622	2556771	150bp					
2706	6197	2558129	2556783	1347bp					
2707	6198	2558557	2559126	570bp					
2708	6199	2559129	2560154	1026bp					
2709	6200	2560154	2560609	456bp					
2710	6201	2561138	2561386	249bp					
2711	6202	2561943	2561506	438bp					
2712	6203	2562116	2562265	150bp					
2713	6204	2562364	2562101	264bp					
2714	6205	2562799	2562410	390bp					
2715	6206	2562852	2562739	114bp					
2716	6207	2562986	2563870	885bp					
2717	6208	2564425	2563955	471bp					
2718	6209	2565268	2564573	696bp					
2719	6210	2565499	2565597	99bp					
2720	6211	2566254	2565646	609bp					
2721	6212	2566368	2568968	2601bp					

【0128】

【表82】

第1-82表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7/31)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
2722	6213	2569024	2569128	105bp					
2723	6214	2569234	2570316	1083bp					
2724	6215	2571483	2570332	1152bp					
2725	6216	2571533	2572198	666bp					
2726	6217	2572216	2572371	156bp					
2727	6218	2572700	2572374	327bp					
2728	6219	2573000	2572830	171bp					
2729	6220	2573989	2572682	1308bp					
2730	6221	2574846	2573866	981bp					
2731	6222	2575921	2574803	1119bp					
2732	6223	2577236	2576004	1233bp					
2733	6224	2578895	2577255	1641bp					
2734	6225	2579783	2578902	882bp					
2735	6226	2580730	2579792	939bp					
2736	6227	2582440	2580734	1707bp					
2737	6228	2582587	2584527	1941bp					
2738	6229	2584582	2585949	1368bp					
2739	6230	2586155	2587786	1632bp					
2740	6231	2587999	2588745	747bp					
2741	6232	2589461	2588748	714bp					
2742	6233	2589588	2590325	738bp					
2743	6234	2591492	2590335	1158bp					
2744	6235	2592388	2591597	792bp					
2745	6236	2592425	2592817	393bp					
2746	6237	2592861	2593988	1128bp					
2747	6238	2594617	2593991	627bp					
2748	6239	2595084	2594620	465bp					
2749	6240	2595831	2595211	621bp					
2750	6241	2596006	2595845	162bp					
2751	6242	2597738	2596071	1668bp					
2752	6243	2598528	2598623	96bp					
2753	6244	2598569	2597892	678bp					
2754	6245	2600835	2598685	2151bp					
2755	6246	2601337	2602902	1566bp					
2756	6247	2602960	2603058	99bp					
2757	6248	2604606	2603968	639bp					
2758	6249	2604596	2605525	930bp					
2759	6250	2605543	2604632	912bp					
2760	6251	2606392	2605550	843bp					
2761	6252	2608038	2606584	1455bp					
2762	6253	2606467	2608140	1674bp					
2763	6254	2609449	2608208	1242bp					
2764	6255	2610662	2609535	1128bp					
2765	6256	2611554	2610871	684bp					
2766	6257	2611546	2612295	750bp					
2767	6258	2612485	2613174	690bp					
2768	6259	2613735	2614523	789bp					
2769	6260	2614558	2615433	876bp					
2770	6261	2617143	2615962	1182bp					
2771	6262	2617251	2618018	768bp					
2772	6263	2618095	2618892	798bp					
2773	6264	2618905	2619561	657bp					
2774	6265	2620805	2619564	1242bp					
2775	6266	2622204	2620996	1209bp					
2776	6267	2622781	2622680	102bp					
2777	6268	2622984	2623628	645bp					
2778	6269	2623793	2623644	150bp					
2779	6270	2623826	2624071	246bp					

【0129】

【表 83】

第 1-83 表

配列 番号 (塩 基配 列)	配列番 号 (7シ 酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	DRF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
2780	6271	2625381	2624074	1308bp					
2781	6272	2625623	2625829	207bp					
2782	6273	2626470	2625832	639bp					
2783	6274	2628144	2626516	1629bp					
2784	6275	2627947	2628399	453bp					
2785	6276	2628901	2628347	555bp					
2786	6277	2628928	2630502	1575bp					
2787	6278	2630973	2630851	123bp					
2788	6279	2630659	2631159	501bp					
2789	6280	2631293	2632489	1197bp					
2790	6281	2632566	2633123	558bp					
2791	6282	2633474	2633169	306bp					
2792	6283	2633494	2634087	594bp					
2793	6284	2634112	2634774	663bp					
2794	6285	2635174	2634770	405bp					
2795	6286	2636612	2635188	1425bp					
2796	6287	2636737	2636868	132bp					
2797	6288	2636868	2637191	324bp					
2798	6289	2637676	2637263	414bp					
2799	6290	2637887	2637789	99bp					
2800	6291	2647659	2638672	8988bp					
2801	6292	2647776	2647868	93bp					
2802	6293	2648178	2647945	234bp					
2803	6294	2649439	2648258	1182bp					
2804	6295	2649573	2650187	615bp					
2805	6296	2650464	2650925	462bp					
2806	6297	2650894	2651034	141bp					
2807	6298	2651009	2651362	354bp					
2808	6299	2652060	2651443	618bp					
2809	6300	2652911	2652090	822bp					
2810	6301	2652939	2653040	102bp					
2811	6302	2653277	2653032	246bp					
2812	6303	2654041	2653349	693bp					
2813	6304	2654683	2654102	582bp					
2814	6305	2654744	2654884	141bp					
2815	6306	2656259	2654898	1362bp					
2816	6307	2656475	2657008	534bp					
2817	6308	2657656	2656997	660bp					
2818	6309	2658523	2657759	765bp					
2819	6310	2659588	2658629	960bp					
2820	6311	2659763	2659557	207bp					
2821	6312	2659519	2660154	636bp					
2822	6313	2660661	2660170	492bp					
2823	6314	2661521	2660694	828bp					
2824	6315	2662399	2661440	960bp					
2825	6316	2662890	2662354	537bp					
2826	6317	2663298	2662906	393bp					
2827	6318	2663460	2664083	624bp					
2828	6319	2664083	2665420	1338bp					
2829	6320	2665448	2665633	186bp					
2830	6321	2665883	2667877	1995bp					
2831	6322	2668801	2667893	909bp					
2832	6323	2669584	2668862	723bp					
2833	6324	2670917	2669580	1338bp					
2834	6325	2672837	2671086	1752bp					
2835	6326	2674362	2673361	1002bp					
2836	6327	2674788	2675312	525bp					
2837	6328	2675514	2676263	750bp					

【0130】

【表 8 4】

第 1-84 表

配列 番号 (塩 基配 列)	配列番 号(7シ 酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
2838	6329	2676925	2676266	660bp					
2839	6330	2677216	2676941	276bp					
2840	6331	2676963	2677400	438bp					
2841	6332	2679645	2677501	2145bp					
2842	6333	2680162	2679707	456bp					
2843	6334	2680395	2680288	108bp					
2844	6335	2680672	2680442	231bp					
2845	6336	2680493	2680807	315bp					
2846	6337	2681080	2680979	102bp					
2847	6338	2681579	2681487	93bp					
2848	6339	2681551	2682399	849bp					
2849	6340	2683148	2682402	747bp					
2850	6341	2683582	2683154	429bp					
2851	6342	2683142	2683639	498bp					
2852	6343	2684798	2683650	1149bp					
2853	6344	2684942	2686312	1371bp					
2854	6345	2686338	2687171	834bp					
2855	6346	2688263	2687472	792bp					
2856	6347	2690073	2688412	1662bp					
2857	6348	2690050	2690460	411bp					
2858	6349	2690460	2690783	324bp					
2859	6350	2690796	2691587	792bp					
2860	6351	2691712	2693076	1365bp					
2861	6352	2693322	2694941	1620bp					
2862	6353	2695577	2695741	165bp					
2863	6354	2695789	2695343	447bp					
2864	6355	2695835	2697235	1401bp					
2865	6356	2698173	2697406	768bp					
2866	6357	2699611	2698217	1395bp					
2867	6358	2702507	2699949	2559bp					
2868	6359	2703361	2702510	852bp					
2869	6360	2702489	2703379	891bp					
2870	6361	2705697	2705951	255bp					
2871	6362	2707406	2707302	105bp					
2872	6363	2707579	2707689	111bp					
2873	6364	2709121	2708990	132bp					
2874	6365	2709259	2709143	117bp					
2875	6366	2709336	2709214	123bp					
2876	6367	2709355	2709660	305bp					
2877	6368	2709897	2710574	678bp					
2878	6369	2710656	2711327	672bp					
2879	6370	2711703	2711611	93bp					
2880	6371	2711869	2712393	525bp					
2881	6372	2714564	2714818	255bp					
2882	6373	2716445	2716555	111bp					
2883	6374	2717775	2717918	144bp					
2884	6375	2718205	2718011	195bp					
2885	6376	2719734	2718454	1281bp					
2886	6377	2719768	2720337	570bp					
2887	6378	2721284	2720403	882bp					
2888	6379	2721862	2722875	1014bp					
2889	6380	2722998	2723627	630bp					
2890	6381	2724075	2723788	288bp					
2891	6382	2725377	2724496	882bp					
2892	6383	2726028	2725402	627bp					
2893	6384	2726674	2726033	642bp					
2894	6385	2728368	2727418	951bp					
2895	6386	2729044	2728226	819bp					

【0131】

【表 85】

第 1-85 表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7シ 酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
2896	6387	2730935	2729397	1539bp					
2897	6388	2731395	2732537	1143bp					
2898	6389	2732655	2733386	732bp					
2899	6390	2734370	2734474	897bp					
2900	6391	2735203	2734283	921bp					
2901	6392	2736285	2735221	1065bp					
2902	6393	2737557	2736433	1125bp					
2903	6394	2738730	2737855	876bp					
2904	6395	2738790	2739572	783bp					
2905	6396	2740819	2739575	1245bp					
2906	6397	2740611	2741375	765bp					
2907	6398	2742596	2741655	942bp					
2908	6399	2742638	2743804	1167bp					
2909	6400	2744029	2744241	213bp					
2910	6401	2746069	2744900	1170bp					
2911	6402	2747646	2746102	1545bp					
2912	6403	2748076	2747702	375bp					
2913	6404	2748114	2749130	1017bp					
2914	6405	2749978	2749181	798bp					
2915	6406	2752331	2750046	2286bp					
2916	6407	2753014	2752346	669bp					
2917	6408	2752421	2753140	720bp					
2918	6409	2753256	2753014	243bp					
2919	6410	2753317	2753838	522bp					
2920	6411	2753823	2753347	477bp					
2921	6412	2753930	2756758	2829bp					
2922	6413	2756870	2757145	276bp					
2923	6414	2757834	2757148	687bp					
2924	6415	2759219	2757882	1338bp					
2925	6416	2759170	2759271	102bp					
2926	6417	2761668	2759551	2118bp					
2927	6418	2762793	2761804	990bp					
2928	6419	2763248	2763015	234bp					
2929	6420	2764950	2763523	1428bp					
2930	6421	2766154	2764997	1158bp					
2931	6422	2767439	2766177	1263bp					
2932	6423	2767599	2768012	414bp					
2933	6424	2768156	2767722	435bp					
2934	6425	2768191	2768292	102bp					
2935	6426	2769114	2768362	753bp					
2936	6427	2770683	2769175	1509bp					
2937	6428	2770733	2772001	1269bp					
2938	6429	2772008	2772679	672bp					
2939	6430	2774117	2772663	1455bp					
2940	6431	2774848	2774129	720bp					
2941	6432	2775708	2774956	753bp					
2942	6433	2776898	2775759	1140bp					
2943	6434	2778523	2776787	1737bp					
2944	6435	2778733	2778560	174bp					
2945	6436	2778984	2780465	1482bp					
2946	6437	2780458	2780988	531bp					
2947	6438	2781009	2782334	1326bp					
2948	6439	2784500	2782359	2142bp					
2949	6440	2785634	2784675	960bp					
2950	6441	2786383	2785670	714bp					
2951	6442	2787899	2786775	1125bp					
2952	6443	2787801	2788613	813bp					
2953	6444	2789418	2788606	813bp					

【0132】

【表 8 6】

第1-86表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7シ 酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
2954	6445	2789954	2789496	459bp					
2955	6446	2790171	2790569	399bp					
2956	6447	2790965	2792467	1503bp					
2957	6448	2792550	2792876	327bp					
2958	6449	2792892	2794346	1455bp					
2959	6450	2794319	2794831	513bp					
2960	6451	2794889	2795656	768bp					
2961	6452	2796774	2795695	1080bp					
2962	6453	2796845	2797825	981bp					
2963	6454	2797839	2798528	690bp					
2964	6455	2798532	2799410	879bp					
2965	6456	2799352	2799444	93bp					
2966	6457	2799554	2801053	1500bp					
2967	6458	2801132	2801332	201bp					
2968	6459	2803265	2801577	1689bp					
2969	6460	2804015	2803269	747bp					
2970	6461	2804710	2804093	618bp					
2971	6462	2805129	2804695	435bp					
2972	6463	2805986	2805132	855bp					
2973	6464	2806478	2806035	444bp					
2974	6465	2807271	2806618	654bp					
2975	6466	2807251	2807394	144bp					
2976	6467	2808383	2807445	939bp					
2977	6468	2809830	2808418	1413bp					
2978	6469	2811857	2809843	2025bp					
2979	6470	2813277	2811979	1299bp					
2980	6471	2814056	2813298	759bp					
2981	6472	2815263	2814100	1164bp					
2982	6473	2815477	2816412	936bp					
2983	6474	2816428	2817336	909bp					
2984	6475	2817382	2818077	696bp					
2985	6476	2818332	2818156	177bp					
2986	6477	2819583	2818369	1215bp					
2987	6478	2820304	2819576	729bp					
2988	6479	2820516	2822210	1695bp					
2989	6480	2822394	2823356	963bp					
2990	6481	2823360	2825360	2001bp					
2991	6482	2825360	2826175	816bp					
2992	6483	2826854	2826234	621bp					
2993	6484	2826926	2827423	498bp					
2994	6485	2827836	2827477	360bp					
2995	6486	2828414	2827923	492bp					
2996	6487	2829165	2828398	768bp					
2997	6488	2829837	2829175	663bp					
2998	6489	2830076	2830798	723bp					
2999	6490	2830798	2831913	1116bp					
3000	6491	2832104	2832685	582bp					
3001	6492	2832809	2834200	1392bp					
3002	6493	2834207	2835304	1098bp					
3003	6494	2835988	2835302	687bp					
3004	6495	2837554	2836067	1488bp					
3005	6496	2837756	2837610	147bp					
3006	6497	2838595	2837975	621bp					
3007	6498	2838662	2839540	879bp					
3008	6499	2839581	2840735	1155bp					
3009	6500	2841058	2841867	810bp					
3010	6501	2842512	2843252	741bp					
3011	6502	2843424	2843735	312bp					

【0133】

【表87】

第1-87表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7ミ/酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
3012	6503	2843741	2843451	291bp					
3013	6504	2846959	2844185	2775bp					
3014	6505	2847248	2848678	1431bp					
3015	6506	2848776	2849798	1023bp					
3016	6507	2849954	2851834	1881bp					
3017	6508	2852016	2851900	117bp					
3018	6509	2852036	2853751	1716bp					
3019	6510	2853788	2855728	1941bp					
3020	6511	2855814	2857535	1722bp					
3021	6512	2859074	2857632	1443bp					
3022	6513	2859063	2859224	162bp					
3023	6514	2860164	2859214	951bp					
3024	6515	2862101	2860524	1578bp					
3025	6516	2862972	2862151	822bp					
3026	6517	2863640	2862948	693bp					
3027	6518	2864440	2863643	798bp					
3028	6519	2864876	2864403	474bp					
3029	6520	2865362	2864886	477bp					
3030	6521	2865769	2865365	405bp					
3031	6522	2866601	2865750	852bp					
3032	6523	2867207	2866605	603bp					
3033	6524	2869767	2867188	2580bp					
3034	6525	2870481	2869882	600bp					
3035	6526	2871459	2870518	942bp					
3036	6527	2872744	2871464	1281bp					
3037	6528	2872945	2873418	474bp					
3038	6529	2873630	2873412	219bp					
3039	6530	2875462	2873924	1539bp					
3040	6531	2875875	2875453	423bp					
3041	6532	2876299	2875889	411bp					
3042	6533	2876847	2876299	549bp					
3043	6534	2877404	2876796	609bp					
3044	6535	2877877	2877614	264bp					
3045	6536	2877722	2877474	249bp					
3046	6537	2877992	2878087	96bp					
3047	6538	2878340	2878203	138bp					
3048	6539	2879729	2878497	1233bp					
3049	6540	2879984	2880271	288bp					
3050	6541	2880509	2881006	498bp					
3051	6542	2881017	2884901	3885bp					
3052	6543	2886516	2884954	1563bp					
3053	6544	2886734	2886567	168bp					
3054	6545	2886668	2886766	99bp					
3055	6546	2887852	2886935	918bp					
3056	6547	2888160	2887963	198bp					
3057	6548	2888381	2888184	198bp					
3058	6549	2890598	2888916	1683bp					
3059	6550	2890949	2890770	180bp					
3060	6551	2892157	2890949	1209bp					
3061	6552	2893119	2892157	963bp					
3062	6553	2895104	2893119	1986bp					
3063	6554	2897544	2895091	2454bp					
3064	6555	2900345	2897547	2799bp					
3065	6556	2903939	2900349	3591bp					
3066	6557	2906757	2903983	2775bp	gd: AF140550				
3067	6558	2907269	2906658	612bp					

【0134】

【表88】

第1-88表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7シ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
3068	6559	2907534	2908904	1371bp	gp: AL021185	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2522c	37.1	68.0	
3069	6560	2909229	2909807	579bp					
3070	6561	2909849	2909250	600bp					
3071	6562	2909986	2909894	93bp					
3072	6563	2910098	2913247	3150bp	gp: AF010496	Rhodobacter capsulatus strain SB1003: CDS 18245. 21130	32.9	62.2	EC_number="1.6.5.3"
3073	6564	2913254	2913742	489bp	gp: D31823	Bacillus sp. Nat/Ht antiporter system responsible gene	41.3	81.7	Nat/Ht antiporter system responsible gene
3074	6565	2913738	2915435	1698bp	gp: Z99120	Bacillus subtilis complete genome (section 17 of 21)	35.7	74.4	NADH dehydrogenase (ubiquinone): from 3197001 to 3414420;
3075	6566	2915435	2915941	507bp	gp: AF010496	Rhodobacter capsulatus PhaE subunit	27.9	58.8	EC_number="2.3.1.-, poly(3- hydroxyalkanoate) polymerase
3076	6567	2915948	2916220	273bp	gp: X93358	Rhizobium meliloti phaF genes	32.5	66.2	K <sup>+</sup> efflux system
3077	6568	2916224	2916601	378bp	gp: AB015981	Staphylococcus aureus genes mnhG	25.6	63.6	multisubunit Nat/Ht antiporter
3078	6569	2917639	2917043	597bp					
3079	6570	2918776	2917649	1128bp					
3080	6571	2919500	2918838	663bp					
3081	6572	2919760	2919509	252bp					
3082	6573	2919734	2920312	579bp					
3083	6574	2920281	2921309	1029bp					
3084	6575	2921339	2922127	789bp					
3085	6576	2922137	2923636	1500bp					
3086	6577	2925169	2923973	1197bp					
3087	6578	2925374	2926723	1350bp					
3088	6579	2927565	2926726	840bp					
3089	6580	2928337	2927570	768bp					
3090	6581	2929256	2928321	936bp					
3091	6582	2929775	2929275	501bp					
3092	6583	2929853	2931355	1503bp					
3093	6584	2931359	2932390	1032bp					
3094	6585	2932260	2934848	2589bp					
3095	6586	2935524	2935334	1191bp					
3096	6587	2938047	2936527	1521bp					
3097	6588	2938422	2939786	1365bp					
3098	6589	2939926	2940471	546bp					
3099	6590	2941527	2940466	1062bp					
3100	6591	2942519	2941491	1029bp					
3101	6592	2943026	2942628	399bp					
3102	6593	2944314	2943031	1284bp					
3103	6594	2944399	2944509	111bp					
3104	6595	2944709	2944602	108bp					
3105	6596	2945110	2945208	99bp					
3106	6597	2946545	2946658	888bp					
3107	6598	2947610	2946717	894bp					
3108	6599	2947905	2947639	267bp					
3109	6600	2949207	2948068	1140bp					
3110	6601	2949901	2949284	618bp					
3111	6602	2950226	2950450	225bp					

【0135】



【表89】

第1-89表

配列 番号 (塩 基配 列)	配列番 号(7ノ 酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
3112	6603	2951742	2950453	1290bp					
3113	6604	2951895	2951806	90bp					
3114	6605	2951862	2952710	849bp					
3115	6606	2952728	2952991	264bp					
3116	6607	2954160	2952994	1167bp					
3117	6608	2955321	2954260	1062bp					
3118	6609	2956792	2955542	1251bp					
3119	6610	2957643	2956849	795bp					
3120	6611	2958055	2957504	552bp					
3121	6612	2959504	2958158	1347bp					
3122	6613	2960405	2959539	867bp					
3123	6614	2961206	2960487	720bp					
3124	6615	2961334	2962737	1404bp					
3125	6616	2963027	2962749	279bp					
3126	6617	2963615	2963217	399bp					
3127	6618	2966180	2963625	2556bp					
3128	6619	2966140	2966262	123bp					
3129	6620	2967844	2966477	1368bp					
3130	6621	2967994	2967878	117bp					
3131	6622	2968422	2968808	387bp					
3132	6623	2968808	2969827	1020bp					
3133	6624	2969853	2971022	1170bp					
3134	6625	2971036	2972076	1041bp					
3135	6626	2973224	2972079	1146bp					
3136	6627	2973815	2973249	567bp					
3137	6628	2973980	2974219	240bp					
3138	6629	2974219	2974401	183bp					
3139	6630	2974486	2975610	1125bp					
3140	6631	2975573	2976379	807bp					
3141	6632	2976543	2977793	1251bp					
3142	6633	2978663	2977866	798bp					
3143	6634	2978756	2978998	243bp					
3144	6635	2979001	2980134	1134bp					
3145	6636	2981837	2980200	1638bp					
3146	6637	2982479	2982042	438bp					
3147	6638	2983698	2982514	1185bp					
3148	6639	2984559	2983906	654bp					
3149	6640	2986560	2984563	1998bp					
3150	6641	2986756	2988183	1428bp					
3151	6642	2988865	2988233	633bp					
3152	6643	2990064	2988865	1200bp					
3153	6644	2993305	2989973	3333bp					
3154	6645	2993940	2993305	636bp					
3155	6646	2995424	2993940	1485bp					
3156	6647	2996809	2995766	1044bp					
3157	6648	2997170	2997385	216bp					
3158	6649	2997706	2997500	207bp					
3159	6650	2997707	2997895	189bp					
3160	6651	2998242	2997982	261bp					
3161	6652	2999473	2998547	927bp					
3162	6653	3000219	2999497	723bp					
3163	6654	3001558	3000260	1299bp					
3164	6655	3001531	3002445	915bp					
3165	6656	3002511	3001561	951bp					
3166	6657	3003254	3002472	783bp					
3167	6658	3005181	3003499	1683bp					
3168	6659	3005564	3006934	1371bp					
3169	6660	3007010	3008395	1386bp					

【0136】

【表90】

第1-90表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7ミ 碱)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
3170	6661	3008708	3008472	237bp					
3171	6662	3009223	3008768	456bp					
3172	6663	3008789	3009322	534bp					
3173	6664	3009393	3009626	234bp					
3174	6665	3011258	3009729	1530bp					
3175	6666	3011824	3011261	564bp					
3176	6667	3012867	3011827	1041bp					
3177	6668	3013856	3013125	732bp					
3178	6669	3014602	3013856	747bp					
3179	6670	3014635	3015843	1209bp					
3180	6671	3017168	3015846	1323bp					
3181	6672	3017335	3019239	1905bp					
3182	6673	3019453	3019364	90bp					
3183	6674	3020628	3019561	1068bp					
3184	6675	3021221	3020580	642bp					
3185	6676	3022012	3021227	786bp					
3186	6677	3021849	3022049	201bp					
3187	6678	3023004	3022132	873bp					
3188	6679	3023919	3023017	903bp					
3189	6680	3024398	3025372	975bp					
3190	6681	3025571	3026158	588bp					
3191	6682	3027318	3026161	1158bp					
3192	6683	3027580	3028182	603bp					
3193	6684	3028236	3028910	675bp					
3194	6685	3028897	3029052	156bp					
3195	6686	3029493	3028903	591bp					
3196	6687	3029523	3029801	279bp					
3197	6688	3030080	3029721	360bp					
3198	6689	3030359	3030120	240bp					
3199	6690	3030174	3030554	381bp					
3200	6691	3030688	3031998	1311bp					
3201	6692	3032167	3032072	96bp					
3202	6693	3032275	3033882	1608bp					
3203	6694	3034306	3034124	183bp					
3204	6695	3034972	3034880	93bp					
3205	6696	3034200	3035456	1257bp					
3206	6697	3036775	3035459	1317bp					
3207	6698	3037430	3036864	567bp					
3208	6699	3037694	3037930	237bp					
3209	6700	3038191	3038961	771bp					
3210	6701	3040700	3039012	1689bp					
3211	6702	3041951	3040767	1185bp					
3212	6703	3042013	3042456	444bp					
3213	6704	3042522	3042722	201bp					
3214	6705	3042679	3045807	3129bp					
3215	6706	3045815	3046009	195bp					
3216	6707	3047313	3046141	1173bp					
3217	6708	3047072	3048067	996bp					
3218	6709	3048077	3049498	1422bp					
3219	6710	3050839	3049475	1365bp					
3220	6711	3050541	3051209	669bp					
3221	6712	3051213	3051983	771bp					
3222	6713	3053910	3052081	1830bp					
3223	6714	3054772	3055788	1017bp					
3224	6715	3055882	3055775	108bp					
3225	6716	3055886	3056650	765bp					
3226	6717	3056632	3057336	705bp					
3227	6718	3057347	3059662	2316bp					

【0137】

【表91】

第1-91表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7ミズ)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
3228	6719	3059670	3060752	1083bp					
3229	6720	3060752	3061114	363bp					
3230	6721	3062946	3061399	1548bp					
3231	6722	3067799	3062970	4830bp					
3232	6723	3070021	3068162	1860bp					
3233	6724	3071159	3070233	927bp					
3234	6725	3071663	3071166	498bp					
3235	6726	3073639	3071669	1971bp					
3236	6727	3074094	3073876	219bp					
3237	6728	3074066	3075466	1401bp					
3238	6729	3076581	3075559	1023bp					
3239	6730	3078824	3076734	2091bp					
3240	6731	3079867	3078872	996bp					
3241	6732	3080394	3079867	528bp					
3242	6733	3082360	3080363	1998bp					
3243	6734	3082486	3083979	1494bp					
3244	6735	3084430	3083954	477bp					
3245	6736	3085219	3084443	777bp					
3246	6737	3085280	3087067	1788bp					
3247	6738	3088322	3087120	1203bp					
3248	6739	3088350	3090683	2334bp					
3249	6740	3092305	3090779	1527bp					
3250	6741	3093194	3092361	834bp					
3251	6742	3094078	3093194	885bp					
3252	6743	3095392	3094097	1296bp					
3253	6744	3095425	3096306	882bp					
3254	6745	3096330	3097442	1113bp					
3255	6746	3097442	3097783	342bp					
3256	6747	3097897	3097799	99bp					
3257	6748	3098591	3097923	669bp					
3258	6749	3099541	3098597	945bp					
3259	6750	3099575	3100717	1143bp					
3260	6751	3100717	3101445	729bp					
3261	6752	3101882	3101763	120bp					
3262	6753	3101546	3102787	1242bp					
3263	6754	3102913	3103782	870bp					
3264	6755	3103807	3104271	465bp					
3265	6756	3104425	3105738	1314bp					
3266	6757	3106389	3106072	918bp					
3267	6758	3107788	3106970	819bp					
3268	6759	3108150	3109538	1389bp					
3269	6760	3109870	3109733	138bp					
3270	6761	3109864	3110022	159bp					
3271	6762	3110271	3110396	126bp					
3272	6763	3112339	3110483	1857bp					
3273	6764	3113421	3112468	954bp					
3274	6765	3113638	3115413	1776bp					
3275	6766	3115426	3116061	636bp					
3276	6767	3116098	3116640	543bp					
3277	6768	3116659	3117351	693bp					
3278	6769	3117355	3118140	786bp					
3279	6770	3118207	3119601	1395bp					
3280	6771	3119639	3120898	1260bp					
3281	6772	3121382	3121531	150bp					
3282	6773	3121548	3121928	381bp					
3283	6774	3122148	3122011	138bp					
3284	6775	3124191	3122575	1617bp					
3285	6776	3124905	3124360	546bp					

【0138】

【表 9 2】

第 1-92 表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (ミジ酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
3286	6777	3125317	3124916	402bp					
3287	6778	3125362	3125511	150bp					
3288	6779	3126164	3125514	651bp					
3289	6780	3126411	3127010	600bp					
3290	6781	3127405	3127292	114bp					
3291	6782	3128442	3127513	930bp					
3292	6783	3128511	3129758	1246bp					
3293	6784	3130645	3130511	135bp					
3294	6785	3129804	3131414	1611bp					
3295	6786	3132939	3133049	111bp					
3296	6787	3133047	3131527	1521bp					
3297	6788	3133134	3133766	633bp					
3298	6789	3135359	3133797	1563bp					
3299	6790	3135316	3135771	456bp					
3300	6791	3136510	3135875	636bp					
3301	6792	3138099	3136612	1488bp					
3302	6793	3137903	3138490	588bp					
3303	6794	3138649	3138500	150bp					
3304	6795	3139474	3138653	822bp					
3305	6796	3139670	3140971	1302bp					
3306	6797	3141611	3140904	708bp					
3307	6798	3141988	3141728	261bp					
3308	6799	3143531	3142473	1059bp					
3309	6800	3144501	3143515	987bp					
3310	6801	3144605	3145645	1041bp					
3311	6802	3147952	3148206	255bp					
3312	6803	3149833	3149943	111bp					
3313	6804	3151163	3151306	144bp					
3314	6805	3151594	3151388	207bp					
3315	6806	3152223	3151861	363bp					
3316	6807	3152432	3153847	1416bp					
3317	6808	3154785	3153913	873bp					
3318	6809	3154836	3154988	153bp					
3319	6810	3156716	3155265	1452bp					
3320	6811	3156400	3156753	354bp					
3321	6812	3157392	3156325	1068bp					
3322	6813	3157490	3157242	249bp					
3323	6814	3157806	3157498	309bp					
3324	6815	3158083	3158853	771bp					
3325	6816	3159060	3158944	117bp					
3326	6817	3159897	3159100	798bp					
3327	6818	3160235	3160438	204bp					
3328	6819	3160835	3161020	186bp					
3329	6820	3160707	3161084	378bp					
3330	6821	3161238	3161720	483bp					
3331	6822	3161866	3162108	243bp					
3332	6823	3162033	3161701	333bp					
3333	6824	3163002	3162877	126bp					
3334	6825	3163752	3163093	660bp					
3335	6826	3162871	3163908	1038bp					
3336	6827	3166042	3163808	2235bp					
3337	6828	3166456	3166286	171bp					
3338	6829	3166997	3167188	192bp					
3339	6830	3167665	3166469	1197bp					
3340	6831	3168420	3167665	756bp					
3341	6832	3167758	3168585	828bp					
3342	6833	3168688	3169359	672bp					
3343	6834	3169433	3170911	1479bp					

【0139】

【表 93】

第 1-93 表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7ミ/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
3344	6835	3170929	3171048	120bp					
3345	6836	3171273	3171635	363bp					
3346	6837	3172621	3171638	984bp					
3347	6838	3173108	3172929	180bp					
3348	6839	3173014	3173484	471bp					
3349	6840	3173643	3173876	234bp					
3350	6841	3174085	3174399	315bp					
3351	6842	3174895	3174996	102bp					
3352	6843	3175009	3174803	207bp					
3353	6844	3175046	3176920	1875bp					
3354	6845	3177193	3177501	309bp					
3355	6846	3177702	3177544	159bp					
3356	6847	3178577	3178131	447bp					
3357	6848	3178628	3178891	264bp					
3358	6849	3178987	3180411	1425bp					
3359	6850	3181123	3180965	159bp	gp:				
3360	6851	3181193	3180570	624bp					
3361	6852	3182885	3181356	1530bp	gp: ALO49826	Streptomyces coelicolor cosmid H24; SCH24.33. dnaB	53.5	80.9	replicative DNA helicase
3362	6853	3183488	3184003	516bp					
3363	6854	3183946	3183497	450bp	gp: Z80775	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0056	57.3	82.7	
3364	6855	3184680	3184006	675bp	gp: ALO49826	Streptomyces coelicolor cosmid H24; SCH24.29. ssb	56.2	69.1	single-strand binding protein
3365	6856	3185016	3184720	297bp	gp: Z80775	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0053	67.4	84.2	ribosomal protein S6
3366	6857	3185276	3185136	141bp	gp: ALO22118	Mycobacterium leprae cosmid B1913; MLCB1913.22c	40.5	68.0	transmembrane protein
3367	6858	3185555	3185367	189bp	gp:				
3368	6859	3187012	3185555	1458bp	gp:				
3369	6860	3189220	3187061	2160bp	gp: Z80775	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0050, ponA	51.2	75.7	penicillin-binding protein
3370	6861	3189704	3189315	390bp					
3371	6862	3189896	3190366	471bp	gp: Z80775	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0042c	35.1	65.0	
3372	6863	3190397	3191338	942bp	gp: Z79702	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv219c	29.7	61.8	
3373	6864	3191373	3191867	495bp	gp:				
3374	6865	3192261	3191941	321bp	gp: Z95555	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3592	60.2	79.6	
3375	6866	3193220	3192285	936bp	gp: AE001333	Chlamydia trachomatis yceA	36.1	64.8	
3376	6867	3194533	3193271	1263bp	gp: Z99111	Bacillus subtilis yknZ			
3377	6868	3195222	3194533	690bp	gp: Z99111	Bacillus subtilis yknY	56.6	83.3	glutamine transport ATP-binding protein
3378	6869	3197214	3195229	1986bp	gp: D90915	Synechocystis sp. PCC6803 ORF_ID:s110141	21.9	48.8	

【0140】

【表94】

第1-94表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7シ 酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
3379	6870	3197431	3198519	1089bp	gp: Z80775	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0046c	77.8	90.0	
3380	6871	3199206	3198601	606bp					
3381	6872	3200705	3199221	1485bp	gp:				
3382	6873	3201773	3201279	495bp	gp: U18769	Haemophilus ducreyi fine tangled pili major pilin subunit gene	45.7	71.0	fine tangled pili major pilin subunit
3383	6874	3201916	3202731	816bp	gp: AL021246	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2464c	40.8	68.1	DNA glycosylase
3384	6875	3202971	3204119	1149bp	AE000418	Escherichia coli yhgL	47.5	66.6	
3385	6876	3204175	3204747	573bp	gp:				
3386	6877	3205223	3204750	474bp	gp: AF047839	Pseudoalteromonas sp	42.2	67.1	
3387	6878	3206251	3205241	1011bp	gp: AF050114	Pseudomonas sp. W7 alginate lyase gene	44.6	72.9	alginate lyase
3388	6879	3206665	3206775	111bp	gp:				
3389	6880	3206868	3208043	1176bp	gp: Z97050	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0191	32.9	68.3	transmembrane protein
3390	6881	3208298	3209473	1176bp	gp: M19485	B. stearothermophilus malic acid gene	54.4	80.9	malic enzyme (EC 1.1.1.38)
3391	6882	3211205	3209724	1482bp	gp: AE001722	hermotoga maritima section 34 of 136	26.3	60.5	
3392	6883	3211855	3211265	591bp	gp:				
3393	6884	3212582	3211923	660bp	gp:				
3394	6885	3212607	3213950	1344bp	gp: AE000137	Escherichia coli K-12 MG1655 section 27 of 400	42.2	71.9	
3395	6886	3215230	3213953	1278bp	gp: D90753	Escherichia coli ORF_ID:o24489	27.3	54.5	
3396	6887	3216778	3215276	1503bp	gp:				
3397	6888	3217234	3216905	330bp	gp:				
3398	6889	3217258	3217347	90bp	gp:				
3399	6890	3217796	3217476	321bp	gp:				
3400	6891	3218012	3218620	609bp	gp: D90737	Escherichia coli ORF_ID:o228#6	37.6	68.3	
3401	6892	3218796	3219719	924bp	gp:				
3402	6893	3222859	3219797	3063bp	gp: Z80775	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0041	66.1	83.8	leucyl-trna synthetase
3403	6894	3222741	3223169	429bp	gp:				
3404	6895	3223485	3223108	378bp	gp: L31763	Dichelobacter nodosus vapl	55.8	81.4	virulence-associated protein
3405	6896	3224733	3224011	723bp	gp: AL035591	Streptomyces coelicolor cosmid C54;SCC54.19	31.6	53.8	
3406	6897	3225573	3224737	837bp	gp: AE000911	Methanobacterium thermoautotrophicum section 117 of 148	36.1	70.2	
3407	6898	3226706	3225582	1125bp	gp: AJ224977	Sphingomonas sp. strain RW5 gtdA similar to E. coli YiaJ	36.2	64.3	ring cleaving dioxygenase
3408	6899	3227708	3226929	780bp	gp: U70214		27.2	61.7	

【0141】

【表 9 5】

第 1-95 表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (75/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
3409	6900	3227743	3229098	1356bp	gp: AF009224	Acinetobacter sp. ADP1 benK	33.7	66.5	benzoate transport protein
3410	6901	3229138	3230463	1326bp	gp: AL035707	Streptomyces coelicolor cosmid E29; SCE29.14c	31.2	60.1	salicylate hydroxylase
3411	6902	3230939	3231076	138bp	gp:				
3412	6903	3232323	3231073	1251bp	gp: AE001231	Treponema pallidum	31.4	69.6	
3413	6904	3232615	3233124	510bp	gp:				
3414	6905	3233439	3233269	171bp	gp:				
3415	6906	3233422	3235599	2178bp	gp: X04960	Brevibacterium lactofermentum trpE	99.2	99.8	tryptophan operon
3416	6907	3235622	3236665	1044bp	gp: U11545	Corynebacterium glutamicum ATCC 21850 trpD	99.4	99.4	anthranilate phosphoribosyltransferase
3417	6908	3236562	3238082	1521bp	gp: X04960	Brevibacterium lactofermentum trpC	97.3	98.3	tryptophan operon
3418	6909	3238102	3239352	1251bp	gp: X04960	Brevibacterium lactofermentum trpB	97.6	97.9	tryptophan operon
3419	6910	3239352	3240197	846bp	gp: X04960	Brevibacterium lactofermentum trpA	96.1	97.2	tryptophan operon
3420	6911	3241877	3240339	1539bp	gp: AL109747	Streptomyces coelicolor cosmid J21; SCJ21.17c	66.6	86.8	integral membrane protein
3421	6912	3242714	3241905	810bp	gp: AL109747	Streptomyces coelicolor cosmid J21; SCJ21.18c	59.9	78.0	
3422	6913	3242871	3243785	915bp	gp: AL049754	Streptomyces coelicolor cosmid H10; SCH10.11	45.7	76.2	ABC transporter ATP-binding protein
3423	6914	3243785	3245368	1584bp	gp: AL049754	Streptomyces coelicolor cosmid H10; SCH10.12	24.4	55.2	ABC transporter membrane-spanning protein
3424	6915	3245343	3245792	450bp	gp: AF155062	Mycobacterium smegmatis qcrA	35.3	63.9	Rieske iron-sulfur protein
3425	6916	3246957	3245848	1110bp	gp: D84432	Bacillus subtilis yqjM	40.4	71.3	
3426	6917	3247071	3248231	1161bp	gp: AL034443	Streptomyces coelicolor cosmid 4B5; SC4B5.06	52.9	79.1	transmembrane protein
3427	6918	3248418	3249191	774bp	gp: AL096849	Streptomyces coelicolor cosmid 111; SC111.36c	34.0	54.6	
3428	6919	3249560	3249213	348bp	gp: M18263	Streptomyces coelicolor Plasmid SCP1 mmr	45.1	79.4	methylenomycin A resistance protein
3429	6920	3249629	3250768	1140bp	gp: D84432	Bacillus subtilis yqjM	42.3	70.7	
3430	6921	3250784	3251431	648bp	gp: Z99109	Bacillus subtilis yixC	41.2	70.8	
3431	6922	3251644	3251492	153bp	gp:				
3432	6923	3251960	3251769	192bp	gp:				
3433	6924	3252326	3252159	168bp	gp:				
3434	6925	3252797	3252669	129bp	gp:				
3435	6926	3252709	3253506	798bp	gp: Z97193	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1882c	33.3	61.2	2,5-dichloro-2,5-cyclohexadiene-1,4-diol dehydrogenase

【0142】

【表96】

第1-96表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7ミ/酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
3436	6927	3253550	3253765	216bp	gp: Z82004	R. erythropolis DNA	63.3	87.8	20S proteasome structural genes
3437	6928	3255442	3253850	1593bp	gp: Z99106	Bacillus subtilis	40.8	74.9	di-tripeptide ABC transporter (membrane protein)
3438	6929	3255575	3255745	171bp					
3439	6930	3256441	3255770	672bp	gp:				
3440	6931	3257399	3256497	903bp	gp: AB016258	Arthrobacter sp	75.6	89.2	hydroxyquinol 1,2-dioxygenase
3441	6932	3258529	3257429	1101bp	gp: AB019032	Ralstonia eutropha plasmid pENH91 DNA	43.0	75.5	chlorocatechol degradative operon
3442	6933	3260140	3258587	1554bp	gp: AB007638	Bacillus subtilis genomic DNA containing	42.1	74.5	
3443	6934	3260073	3260162	90bp	gp: Z99106	Bacillus subtilis complete amyE-srfA	27.9	67.6	transcriptional regulator
3444	6935	3260534	3262015	1482bp	gp: D90805	E. coli genomic ORF ID: o314#10	27.1	55.7	
3445	6936	3262075	3263247	1173bp					
3446	6937	3263263	3264141	879bp					
3447	6938	3264168	3265172	1005bp	gp: AF059313	Sinorhizobium meliloti idhA	45.9	74.9	myo-inositol dehydrogenase
3448	6939	3265210	3266292	1083bp	gp: Z99118	Bacillus subtilis	34.4	64.2	opine catabolism
3449	6940	3266629	3271119	4491bp	gp: Z99121	Bacillus subtilis yvnB	33.3	62.7	
3450	6941	3271418	3272503	1086bp	gp:				
3451	6942	3274100	3272589	1512bp	gp: Y12537	C. glutamicum proP	99.8	100.0	
3452	6943	3275257	3274514	744bp					
3453	6944	3275615	3275719	105bp					
3454	6945	3276596	3275628	969bp	gp:				
3455	6946	3281634	3276697	4938bp	gp: Y18605	Mycobacterium bovis BCG	58.4	80.2	variable region Rv01
3456	6947	3281686	3281826	141bp					
3457	6948	3282198	3281692	507bp	gp: U15182	Mycobacterium leprae cosmid B2266	34.8	61.0	
3458	6949	3282972	3282373	600bp	gp: X73124	B. subtilis ipa-52r	50.4	76.8	
3459	6950	3282768	3283127	360bp	gp: Z99121	Bacillus subtilis complete genome (section 18 of 21)	46.3	70.1	
3460	6951	3283167	3283409	243bp					
3461	6952	3284335	3283499	837bp	gp: Y12537	C. glutamicum proP	29.9	62.3	
3462	6953	3285450	3284425	1026bp	gp: D90899	Synechocystis sp. PCC6803 fecB	38.8	67.0	
3463	6954	3285481	3286602	1122bp	gp: X62373	S. coelicolor ORF2	31.9	60.5	hydroxyacyl-CoA dehydrogenase
3464	6955	3286648	3287031	384bp	gp:				
3465	6956	3287323	3287105	219bp	gp:				
3466	6957	3288216	3287419	798bp	gp: X73124	B. subtilis genomic region 325 to 333	46.2	75.5	
3467	6958	3288291	3288635	345bp	gp:				
3468	6959	3288711	3288911	201bp	gp: Z99121	Bacillus subtilis complete genome section 18 of 21	41.8	70.1	
3469	6960	3289341	3288997	345bp	gp: Y11043	B. subtilis azlD	36.3	65.7	branched-chain amino acid transport

【0143】



【表97】

第1-97表

配列番号 (塩基配列)	配列番号 (7ミ/酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (nt)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	機能
3470	6961	3290047	3289337	711bp	gp: U32846	Haemophilus influenzae Rd section 161 of 163	33.6	65.5	
3471	6962	3290653	3290051	603bp	gp: Z80233	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0038	44.1	74.9	
3472	6963	3292331	3290649	1683bp	gp: Z94121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3907c, pcnA	64.5	85.7	polynucleotide polymerase
3473	6964	3292908	3292636	273bp					
3474	6965	3292558	3293523	966bp	gp: Z94121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3908	43.6	69.2	
3475	6966	3293523	3296033	2511bp	gp: Z94121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3909	25.8	54.3	
3476	6967	3296089	3299430	3342bp	gp: Z94121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3910	35.7	60.1	membrane bound
3477	6968	3299594	3300289	696bp	gp: AL049826	Streptomyces coelicolor cosmid H24; SCH24.14c, sigT	35.1	61.2	RNA polymerase sigma factor
3478	6969	3301329	3300145	1185bp	gp:				
3479	6970	3300385	3301347	963bp	gp: AF023161	Mycobacterium smegmatis trxB	67.5	86.6	thioredoxin reductase
3480	6971	3301384	3301755	372bp	gp: M14736	Anabaena sp. trxA	47.7	77.6	thioredoxin
3481	6972	3301781	3303022	1242bp	gp:	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3915, cwI	51.0	75.4	hydrolase
3482	6973	3303642	3303025	618bp	gp: AL021426	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3916c	34.4	58.5	
3483	6974	3303589	3303681	93bp					
3484	6975	3304813	3303662	1152bp	gp: AL021426	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3917c	50.8	67.5	
3485	6976	3305790	3304861	930bp	gp: AL021426	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3918c	62.9	85.4	
3486	6977	3305811	3305909	99bp					
3487	6978	3306558	3305890	669bp	gp: AL049826	Streptomyces coelicolor cosmid H24; Sth24.07	52.0	79.7	
3488	6979	3307658	3306708	951bp	gp: AL021426	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3921c	44.7	75.4	membrane protein
3489	6980	3308395	3307997	399bp	gp: AL021426	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3923c, rnpA	39.7	70.6	Ribonuclease protein component
3490	6981	3309069	3308848	222bp					
3491	6982	3309054	3309347	294bp					
3492	6983	3309408	3309265	144bp					

【0144】

上記の表に示されたORFについての情報により、コリネバクテリウム・グルタミカム (*Corynebacterium glutamicum*) 或いは類縁微生物の対応ORFをクローン化し塩基配列決定することができる。例えば、ORFに隣接する塩基配列を

有するオリゴヌクレオチドを合成し、それをプライマーとして、またコリネバクテリウム・グルタミクム (*Corynebacterium glutamicum*) から得た染色体DNAを鋳型として、通常のPCRクローニング技法によりORFを単離しうる。

本発明のポリヌクレオチドは、発現調節断片 (expression modulating fragment、以下EMFと略記する) を包含する。EMFとは、作動可能に連結されたORFまたはその他の配列の発現を調節する一連のポリヌクレオチド断片を意味する。「作動可能に連結された配列の発現を調節する」とは、EMFの存在により配列の発現が変化することを意味する。EMFとしては、プロモーター、オペレーター、エンハンサー、リボソーム結合配列、転写終結配列等があげられる。コリネバクテリウム・グルタミクム (*Corynebacterium glutamicum*) 等のバクテリアの場合、EMFは通常、遺伝子間セグメント (2つの遺伝子の間にある断片；長さ約10から200ヌクレオチド) に存在する。即ち、長さ10ヌクレオチド以上の遺伝子間セグメントには、EMFが存在する場合が多い。EMFはまた公知のEMFの配列を標的配列に用いて適当なソフトウェアにより推定することが可能である。または公知のEMF捕獲ベクター (例えば、pKK232-8；Amersham Pharmacia Biotech社製) により、同定および評価が可能である。

有用性の高いEMFとしては、例えば高効率プロモーターや誘導発現プロモーターが挙げられる。これらの取得は、発現が高いことが示されている、あるいは予想される遺伝子 (例えばリボソームRNA遺伝子：GenBankアクセッション番号M16175、Z46753) や目的の誘導パターンを示す遺伝子 (例えば酢酸で誘導されるイソクエン酸リアーゼ遺伝子：特開平5-56782) の塩基配列を本発明で明らかとなったコリネバクテリウム・グルタミクム (*Corynebacterium glutamicum*) ATCC13032株ゲノム塩基配列 (配列番号1) とアラインメントして位置決定し、その上流部分 (通常、翻訳開始位置から200ないし500ヌクレオチド) のゲノム断片を単離する事により可能である。あるいはまた、上記EMF捕獲ベクターで捕獲したプロモーターのなかから高効率のものや目的の誘導パターンを示すものを選択しても良い。

#### 【 0 1 4 5 】

本発明は、本発明のポリヌクレオチドまたはその断片を含む組換えベクターを

包含する。好ましい組換えベクターとしては、本発明のポリヌクレオチドまたはその断片がプラスミドベクター、ウィルスベクター等のベクターに挿入された組換えベクターがあげられる。本発明のORFの一つを含む組換えベクターの場合、宿主生物での発現を容易にするために当該ORFに作動可能に連結された宿主生物で機能するEMFを含ませることができる。本発明のEMFを含む組換えベクターは、当該EMFに作動可能に連結された任意の生物由来のORFを含ませることができる。

## 【 0 1 4 6 】

上記プラスミドベクターおよびウィルスベクターとしては、バクテリアにおける断片クローニング用として好適なpBluescript SKおよびKS (+および-)、 $\lambda$ gt11、 $\lambda$ FIXII、SuperCos1 (以上、Stratagene社製)、pUC18、pUC19、M13mp18、M13mp19 (以上、Life Technologies社製)、pBeloBAC11 [Mozoら、Mol. Gen. Genet. 258:562-70 (1996)]、バクテリア由来EMFを含みバクテリアにおけるポリペプチド発現用として好適なpET3、pET11 (以上Stratagene社製)、pBAD、pThioHis、pTrcHis (以上、Invitrogen社製)、pKK223-3、pGEX2T (以上、Amersham Pharmacia Biotech社製)、真核生物由来EMFを含み真核生物におけるポリペプチド発現用として好適なpYES2、pPIC9K、pBlueBac4.5、pcDNA3.1、pSinRep5、pCEP4 (以上、Invitrogen社製)、pRev-Tre (Clontech社製)、pAxCawt (宝酒造社製) などがあげられる。

## 【 0 1 4 7 】

本発明は、本発明のポリヌクレオチド断片を保有する形質転換体を包含する。本発明のポリヌクレオチド断片は、公知の方法を用いて宿主生物に導入される。公知の方法とは、例えば宿主生物がバクテリアの場合、エレクトロポレーション、カルシウムトランスフェクション、プロトプラスト法、ウィルスを経る方法などであり、真核生物の場合はマイクロインジェクション、リン酸カルシウムトランスフェクション、陽性荷電脂質仲介法やウィルスを用いる方法等があげられる [モレキュラー・クローニング第2版、および、Spectorら、Cells/ a laboratory manual, Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1998) ]。宿主生物とは、原核生物、下等真核生物 (たとえば酵母)、または高等真核生物 (例えばほ乳類

動物)、であり、それら生物から単離された細胞を含む。組換えポリヌクレオチド断片の宿主細胞内での存在形態としては、宿主染色体にインテグレートされてもよいし、染色体外で独立の複製単位を有する因子(例えばプラスミド)に組み込まれた形でもよい。これらの形質転換体は、本発明のコリネバクテリウム・グルタミカム (*Corynebacterium glutamicum*) のゲノムのORFによりコードされるポリペプチドの他、本発明のポリヌクレオチドおよびその断片を生産するために用いることができる。あるいは、本発明のEMFの制御下で任意のポリペプチドを生産するため等に用いることができる。

## 【 0 1 4 8 】

本発明は、本発明のポリヌクレオチドおよびその断片によりコードされるポリペプチドを包含する。本発明のポリペプチドとしては、上記ORFによりコードされるポリペプチド等があげられる。また、配列番号3493～6983で示されるORFのアミノ酸配列において1以上のアミノ酸が欠失、置換または付加されたアミノ酸配列からなるポリペプチドも本発明に包含される。該ポリペプチドは、モレキュラー・クローニング第2版、カレント・プロトコールズ・イン・モレキュラー・バイオロジー、Nucleic Acids Research, 10, 6487 (1982)、Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 79, 6409(1982)、Gene, 34, 315 (1985)、Nucleic Acids Research, 13, 4431 (1985)、Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 82, 488 (1985)等に記載の部位特異的変異導入法を用いて、例えば配列番号3493～6983で示されるアミノ酸配列を有するポリペプチドをコードするDNAに部位特異的変異を導入することにより、取得することができる。欠失、置換もしくは付加されるアミノ酸の数は特に限定されないが、1個から数十個、特に1個から数個のアミノ酸であることが好ましい。とくに、配列番号3493～6983で示される各アミノ酸配列と少なくとも60%以上、通常は80%以上、特に95%以上の相同性を有していることが好ましい。

## 【 0 1 4 9 】

例えば、本発明のポリペプチドは、モレキュラー・クローニング第2版やカレント・プロトコールズ・イン・モレキュラー・バイオロジー等に記載された方法等を用い、例えば以下の方法により、本発明のポリヌクレオチドまたはその断片

を宿主細胞中で発現させて、製造することができる。

【 0 1 5 0 】

全長 O R F 配列をもとにして、必要に応じて、該ポリペプチドをコードする部分を含む適当な長さの D N A 断片を調製する。

また、必要に応じて、本発明のポリペプチドをコードする部分の塩基配列を、宿主細胞の発現に最適なコドンとなるように塩基を置換した D N A を調製する。該 D N A は本発明のポリペプチドの効率的製造に有用である。

【 0 1 5 1 】

これらの D N A 断片を適当な発現ベクターのプロモーターの下流に挿入することにより、組換えベクターを作製する。

該組換えベクターを、該発現ベクターに適合した宿主細胞に導入する。

宿主細胞としては、細菌、酵母、動物細胞、昆虫細胞、植物細胞等、目的とする遺伝子を発現できるものであればいずれも用いることができる。

【 0 1 5 2 】

発現ベクターとしては、上記宿主細胞において自立複製可能なしは染色体中への組込が可能で、本発明のポリペプチドをコードする D N A を転写できる位置にプロモーターを含有しているものが用いられる。

細菌等の原核生物を宿主細胞として用いる場合は、本発明のポリペプチドをコードする D N A を含有してなる組換えベクターは原核生物中で自立複製可能であると同時に、プロモーター、リボソーム結合配列、本発明の D N A 、転写終結配列、より構成されたベクターであることが好ましい。プロモーターを制御する遺伝子が含まれていてもよい。

【 0 1 5 3 】

発現ベクターとしては、例えば、コリネバクテリウム・グルタミカム (*Coryne bacterium glutamicum*) で複製可能なベクタープラスミドである pCG1 (特開昭57-134500)、pCG2 (特開昭58-35197)、pCG4 (特開昭57-183799)、pCG11 (特開昭57-134500)、pCG116、pCE54、pCB101 (いずれも特開昭58-105999)、pCE51、pCE52、pCE53 [いずれも *Molecular and General Genetics* 196:175-178 (1984)]、pET3、pET11 (以上Stratagene社製)、pBAD、pThioHis、pTrcHis (以上

、Invitrogen社製)、pKK223-3、pGEX2T (以上、Amersham Pharmacia Biotech社製) の他、pBTrp2、pBTac1、pBTac2 (いずれもベーリンガーマンハイム社製より市販)、pSE280 (Invitrogen社製)、pGEMEX-1 (Promega社製)、pQE-8 (QIAGEN社製)、pKYP10 (特開昭58-110600)、pKYP200 [Agric. Biol. Chem., 48, 669 (1984)]、pLSA1 [Agric. Biol. Chem., 53, 277 (1989)]、pGEL1 [Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 82, 4306 (1985)]、pBluescript II SK(-) (Stratagene社製)、pTrs30 [Escherichia coli JM109/pTrs30 (FERM BP-5407) より調製]、pTrs32 [Escherichia coli JM109/pTrs32 (FERM BP-5408) より調製]、pGHA2 [Escherichia coli IGHA2 (FERM B-400) より調製、特開昭60-221091]、pGKA2 [Escherichia coli IGKA2 (FERM BP-6798) より調製、特開昭60-221091]、pTerm 2 (US4686191、US4939094、US5160735)、pSupex、pUB110、pTP5、pC194、pEG400 [J. Bacteriol., 172, 2392 (1990)]、pGEX (Pharmacia社製)、pETシステム (Novagen社製) 等をあげることができる。

## 【 0 1 5 4 】

プロモーターとしては、宿主細胞中で機能するものであればいかなるものでもよい。例えば、trpプロモーター ( $P_{trp}$ )、lacプロモーター、 $P_L$ プロモーター、 $P_R$ プロモーター、T7プロモーター等の、大腸菌やファージ等に由来するプロモーターをあげることができる。また $P_{trp}$ を2つ直列させたプロモーター ( $P_{trp} \times 2$ )、tacプロモーター、lacT7プロモーター、let Iプロモーターのように人為的に設計改変されたプロモーター等も用いることができる。

## 【 0 1 5 5 】

リボソーム結合配列であるシャインーダルガノ (Shine-Dalgarno) 配列と開始コドンとの間を適当な距離 (例えば6～18塩基) に調節したプラスミドを用いることが好ましい。

本発明の組換えベクターにおいては、本発明のDNAの発現には転写終結配列は必ずしも必要ではないが、構造遺伝子の直下に転写終結配列を配置することが好ましい。

## 【 0 1 5 6 】

宿主細胞としては、エシェリヒア属、セラチア属、バチルス属、ブレヴィバクテ

リウム属、コリネバクテリウム属、ミクロバクテリウム属、シュードモナス属等に属する微生物、例えば、Escherichia coli XL1-Blue、Escherichia coli XL2-Blue、Escherichia coli DH1、Escherichia coli MC1000、Escherichia coli KY 3276、Escherichia coli W1485、Escherichia coli JM109、Escherichia coli H B101、Escherichia coli No.49、Escherichia coli W3110、Escherichia coli N Y49、Escherichia coli GI698、Escherichia coli TB1、Serratia ficaria、Serratia fonticola、Serratia liquefaciens、Serratia marcescens、Bacillus subtilis、Bacillus amyloliquefaciens、Brevibacterium ammoniagenes、Brevibacterium immariophilum ATCC14068、Brevibacterium saccharolyticum ATCC14066、Corynebacterium glutamicum ATCC13032、Corynebacterium glutamicum ATCC13869、Corynebacterium glutamicum ATCC14067 (旧属種Brevibacterium flavum)、Corynebacterium glutamicum ATCC13869 (旧属種Brevibacterium lactofermentum)、Corynebacterium acetoacidophilum ATCC13870、Microbacterium ammoniophilum ATCC15354、Pseudomonas putida、Pseudomonas sp. D-0110等あげることができる。

## 【 0 1 5 7 】

コリネバクテリウム・グルタミクム (Corynebacterium glutamicum) またはその類縁微生物を宿主とする場合、該ポリペプチドの発現に必要なEMFはベクター側に特に備わっていなくても挿入断片である本発明のポリヌクレオチドまたはその断片に含まれていればよいが、そのようなEMFが該ポリヌクレオチドに含まれない場合には、別に調製し、作動可能な状態に連結する必要がある。あるいは、より高い発現量もしくは特異的な発現調節を期待する場合にも、それに見合ったEMFを作動可能な状態に連結する必要がある。例えば、Patekら、Microbiology 142:1297-1309 (1996)に具体例が示されている。

## 【 0 1 5 8 】

組換えベクターの導入方法としては、上記宿主細胞へDNAを導入する方法であればいずれも用いることができ、例えば、カルシウムイオンを用いる方法 [Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 69, 2110 (1972)]、プロトプラスト法 (特開昭63-248394)、またはGene, 17, 107 (1982)やMolecular & General Genetics, 168,

111 (1979)に記載の方法等をあげることができる。

【 0 1 5 9 】

酵母を宿主細胞として用いる場合には、発現ベクターとして、例えば、pYES2 (Invitrogen社製)、YEP13 (ATCC37115)、YEp24 (ATCC37051)、YCp50 (ATCC37419)、pHS19、pHS15等をあげることができる。

プロモーターとしては、酵母菌株中で発現できるものであればいずれのものを  
用いてもよく、例えば、ヘキサースキナーゼ等の解糖系の遺伝子のプロモーター、  
PHO 5 プロモーター、PGK プロモーター、GAP プロモーター、ADH プ  
ロモーター、gal 1 プロモーター、gal 10 プロモーター、ヒートショックポリペ  
プチドプロモーター、MF $\alpha$ 1 プロモーター、CUP 1 プロモーター等をあげること  
ができる。

【 0 1 6 0 】

宿主細胞としては、Saccharomyces属、Schizosaccharomyces属、Kluyveromyce  
s属、Trichosporon属、Schwanniomyces属、Pichia属、Candida属等に属する微生  
物、例えば、Saccharomyces cerevisiae、Schizosaccharomyces pombe、Kluyver  
omyces lactis、Trichosporon pullulans、Schwanniomyces alluvius、Candida  
utilis等をあげることができる。

【 0 1 6 1 】

組換えベクターの導入方法としては、酵母にDNAを導入する方法であればい  
ずれも用いることができ、例えば、エレクトロポレーション法 [Methods Enzymo  
l., 194, 182 (1990)]、スフェロプラスト法 [Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 7  
5, 1929 (1978)]、酢酸リチウム法 [J. Bacteriology, 153, 163 (1983)]、Pr  
oc. Natl. Acad. Sci. USA, 75, 1929 (1978)記載の方法等をあげることができ  
る。

【 0 1 6 2 】

動物細胞を宿主として用いる場合には、発現ベクターとして、例えば、pcDNA3  
.1、pSinRep5、pCEP4 (Invitrogen社製)、pRev-Tre (Clontech社製)、pAxCawt  
(宝酒造社製)、pcDNA1、pcDM8 (フナコシ社製)、pAGE107 [特開平3-22979、C  
ytotechnology, 3, 133 (1990)]、pAS3-3 (特開平2-227075)、pcDM8 [Nature,



329, 840 (1987)]、pcDNA1/Amp (Invitrogen社製)、pREP4 (Invitrogen社製)、pAGE103 [J. Biochem., 101, 1307 (1987)]、pAGE210等をあげることができる。

【 0 1 6 3 】

プロモーターとしては、動物細胞中で機能するものであればいずれも用いることができ、例えば、サイトメガロウイルス (CMV) のIE (immediate early) 遺伝子のプロモーター、SV40の初期プロモーター、レトロウイルスのプロモーター、メタロチオネインプロモーター、ヒートショックプロモーター、SR $\alpha$ プロモーター等をあげることができる。また、ヒトCMVのIE遺伝子のエンハンサーをプロモーターと共に用いてもよい。

【 0 1 6 4 】

宿主細胞としては、ヒトの細胞であるナマルバ (Namalwa) 細胞、サルの細胞であるCOS細胞、チャイニーズ・ハムスターの細胞であるCHO細胞、HBT5637 (特開昭63-299) 等をあげることができる。

動物細胞への組換えベクターの導入方法としては、動物細胞にDNAを導入する方法であればいずれも用いることができ、例えば、エレクトロポレーション法 [Cytotechnology, 3, 133 (1990)]、リン酸カルシウム法 (特開平2-227075)、リポフェクション法 [Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 84, 7413 (1987)]、Virology, 52, 456 (1973)等をあげることができる。

【 0 1 6 5 】

昆虫細胞を宿主として用いる場合には、例えばカレント・プロトコールズ・イン・モレキュラー・バイオロジー、Baculovirus Expression Vectors, A Laboratory Manual, W. H. Freeman and Company, New York (1992)、Bio/Technology, 6, 47 (1988)等に記載された方法によって、ポリペプチドを発現することができる。

【 0 1 6 6 】

即ち、組換え遺伝子導入ベクターおよびバキュロウイルスを昆虫細胞に共導入して昆虫細胞培養上清中に組換えウイルスを得た後、さらに組換えウイルスを昆虫細胞に感染させ、ポリペプチドを発現させることができる。

該方法において用いられる遺伝子導入ベクターとしては、例えば、pBlueBac4.5、pVL1392、pVL1393、pBlueBacIII（ともにInvitrogen社製）等をあげることができる。

【 0 1 6 7 】

バキュロウイルスとしては、例えば、夜盗蛾科昆虫に感染するウイルスであるアウトグラフィ・カリフォルニカ・ヌクレアー・ポリヘドロシス・ウイルス(Autographa californica nuclear polyhedrosis virus)等を用いることができる。

昆虫細胞としては、Spodoptera frugiperdaの卵巣細胞であるSf9、Sf21 [Baculovirus Expression Vectors, A Laboratory Manual, W. H. Freeman and Company, New York (1992)]、Trichoplusia niの卵巣細胞であるHigh 5 (Invitrogen社製)等を用いることができる。

【 0 1 6 8 】

組換えウイルスを調製するための、昆虫細胞への上記組換え遺伝子導入ベクターと上記バキュロウイルスの共導入方法としては、例えば、リン酸カルシウム法（特開平2-227075）、リポフェクション法 [Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 84, 7413 (1987)] 等をあげることができる。

【 0 1 6 9 】

植物細胞を宿主細胞として用いる場合には、発現ベクターとして、例えば、Tiプラスミド、タバコモザイクウイルスベクター等をあげることができる。

プロモーターとしては、植物細胞中で発現できるものであればいずれのものを用品いてもよく、例えば、カリフラワーモザイクウイルス (CaMV) の35Sプロモーター、イネアクチン1プロモーター等をあげることができる。

【 0 1 7 0 】

宿主細胞としては、タバコ、ジャガイモ、トマト、ニンジン、ダイズ、アブラナ、アルファルファ、イネ、コムギ、オオムギ等の植物細胞等をあげることができる。

組換えベクターの導入方法としては、植物細胞にDNAを導入する方法であればいずれも用いることができ、例えば、アグロバクテリウム (Agrobacterium)（特開昭59-140885、特開昭60-70080、W094/00977）、エレクトロポレーション

法（特開昭60-251887）、パーティクルガン（遺伝子銃）を用いる方法（特許第2606856、特許第2517813）等をあげることができる。

【0171】

酵母、動物細胞、昆虫細胞または植物細胞により発現させた場合には、糖あるいは糖鎖が付加されたポリペプチドを得ることができる。

以上のようにして得られる本発明の形質転換体を培地に培養し、培養物中に本発明のポリペプチドまたは本発明のEMFの制御下で発現される任意のポリペプチドを生成蓄積させ、該培養物から採取することにより、それらのポリペプチドを製造することができる。

【0172】

本発明の形質転換体を培地に培養する方法は、宿主の培養に用いられる通常の方法に従って行うことができる。

本発明の形質転換体が大腸菌等の原核生物あるいは酵母等の真核生物を宿主として得られた形質転換体である場合、該形質転換体を培養する培地として、該形質転換体が資化し得る炭素源、窒素源、無機塩類等を含有し、該形質転換体の培養を効率的に行える培地であれば天然培地、合成培地のいずれを用いてもよい。

【0173】

炭素源としては、該形質転換体が資化し得るものであればよく、グルコース、フラクトース、スクロース、これらを含有する糖蜜、デンプンあるいはデンプン加水分解物等の炭水化物、酢酸、プロピオン酸等の有機酸、エタノール、プロパノールなどのアルコール類等を用いることができる。

【0174】

窒素源としては、アンモニア、塩化アンモニウム、硫酸アンモニウム、酢酸アンモニウム、リン酸アンモニウム等の無機酸もしくは有機酸のアンモニウム塩、その他の含窒素化合物、ならびに、ペプトン、肉エキス、酵母エキス、コーンステープリカー、カゼイン加水分解物、大豆粕および大豆粕加水分解物、各種発酵菌体およびその消化物等を用いることができる。

【0175】

無機塩としては、リン酸第一カリウム、リン酸第二カリウム、リン酸マグネシ

ウム、硫酸マグネシウム、塩化ナトリウム、硫酸第一鉄、硫酸マンガン、硫酸銅、炭酸カルシウム等を用いることができる。

培養は、振盪培養または深部通気攪拌培養などの好氣的条件下で行う。培養温度は15～40℃がよく、培養時間は、通常16時間～7日間である。培養中のpHは3.0～9.0に保持することが好ましい。pHの調整は、無機または有機の酸、アルカリ溶液、尿素、炭酸カルシウム、アンモニアなどを用いて行う。

#### 【0176】

また、培養中必要に応じて、アンピシリンやテトラサイクリン等の抗生物質を培地に添加してもよい。

プロモーターとして誘導性のプロモーターを用いた組換えベクターで形質転換した微生物を培養するときには、必要に応じてインデューサーを培地に添加してもよい。

#### 【0177】

例えば、lacプロモーターを用いた組換えベクターで形質転換した微生物を培養するときにはイソプロピル-β-D-チオガラクトピラノシド等を、trpプロモーターを用いた組換えベクターで形質転換した微生物を培養するときにはインドールアクリル酸等を培地に添加してもよい。

#### 【0178】

動物細胞を宿主として得られた形質転換体を培養する培地としては、一般に使用されているRPMI1640培地 [The Journal of the American Medical Association, 199, 519 (1967)]、EagleのMEM培地 [Science, 122, 501 (1952)]、ダルベッコ改変MEM培地 [Virology, 8, 396 (1959)]、199培地 [Proceeding of the Society for the Biological Medicine, 73, 1 (1950)] またはこれら培地に牛胎児血清等を添加した培地等を用いることができる。

#### 【0179】

培養は、通常pH6～8、30～40℃、5%CO<sub>2</sub>存在下等の条件下で1～7日間行う。

また、培養中必要に応じて、カナマイシン、ペニシリン等の抗生物質を培地に添加してもよい。

【 0 1 8 0 】

昆虫細胞を宿主として得られた形質転換体を培養する培地としては、一般に使用されているTNM-FH培地（Pharmingen社製）、Sf-900 II SFM培地（Life Technologies社製）、ExCell400、ExCell405（いずれもJRH Biosciences社製）、Grace's Insect Medium [Nature, 195, 788 (1962)] 等を用いることができる。

【 0 1 8 1 】

培養は、通常pH 6～7、25～30℃等の条件下で、1～5日間行う。

また、培養中必要に応じて、ゲンタマイシン等の抗生物質を培地に添加してもよい。

植物細胞を宿主として得られた形質転換体は、細胞として、または植物の細胞や器官に分化させて培養することができる。該形質転換体を培養する培地としては、一般に使用されているムラシゲ・アンド・スクーグ(MS)培地、ホワイト(White)培地、またはこれら培地にオーキシン、サイトカイニン等、植物ホルモンを添加した培地等を用いることができる。

【 0 1 8 2 】

培養は、通常pH 5～9、20～40℃の条件下で3～60日間行う。

また、培養中必要に応じて、カナマイシン、ハイグロマイシン等の抗生物質を培地に添加してもよい。

上記のとおり、本発明のポリペプチドをコードするDNAを組み込んだ組換え体ベクターを保有する微生物、動物細胞、あるいは植物細胞由来の形質転換体を、通常の培養方法に従って培養し、該ポリペプチドを生成蓄積させ、該培養物より該ポリペプチドを採取することにより、該ポリペプチドを製造することができる。

【 0 1 8 3 】

遺伝子の発現方法としては、直接発現以外に、モレキュラー・クローニング第2版に記載されている方法等に準じて、分泌生産、融合ポリペプチド発現等を行うことができる。

本発明のポリペプチドの生産方法としては、宿主細胞内に生産させる方法、宿主細胞外に分泌させる方法、あるいは宿主細胞外膜上に生産させる方法があり、

使用する宿主細胞や、生産させるポリペプチドの構造を変えることにより、該方法を選択することができる。

【 0 1 8 4 】

本発明のポリペプチドが宿主細胞内あるいは宿主細胞外膜上に生産される場合、ポールソンらの方法 [J. Biol. Chem., 264, 17619 (1989)]、ロウらの方法 [Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 86, 8227 (1989)、Genes Develop., 4, 1288 (1990)]、または特開平5-336963、W094/23021等に記載の方法を準用することにより、該ポリペプチドを宿主細胞外に積極的に分泌させることができる。

【 0 1 8 5 】

すなわち、遺伝子組換えの手法を用いて、本発明のポリペプチドの活性部位を含むポリペプチドの手前にシグナルペプチドを付加した形で発現させることにより、本発明のポリペプチドを宿主細胞外に積極的に分泌させることができる。

また、特開平2-227075に記載されている方法に準じて、ジヒドロ葉酸還元酵素遺伝子等を用いた遺伝子増幅系を利用して生産量を上昇させることもできる。

【 0 1 8 6 】

さらに、遺伝子導入した動物または植物の細胞を再分化させることにより、遺伝子が導入された動物個体（トランスジェニック非ヒト動物）または植物個体（トランスジェニック植物）を造成し、これらの個体を用いて本発明のポリペプチドを製造することもできる。

【 0 1 8 7 】

形質転換体が動物個体または植物個体の場合は、通常の方法に従って、飼育または栽培し、該ポリペプチドを生成蓄積させ、該動物個体または植物個体より該ポリペプチドを採取することにより、該ポリペプチドを製造することができる。

動物個体を用いて本発明のポリペプチドを製造する方法としては、例えば公知の方法 [American Journal of Clinical Nutrition, 63, 639S (1996)、American Journal of Clinical Nutrition, 63, 627S (1996)、Bio/Technology, 9, 830 (1991)] に準じて遺伝子を導入して造成した動物中に本発明のポリペプチドを生産する方法があげられる。

【 0 1 8 8 】

動物個体の場合は、例えば、本発明のポリペプチドをコードするDNAを導入したトランスジェニック非ヒト動物を飼育し、該ポリペプチドを該動物中に生成・蓄積させ、該動物中より該ポリペプチドを採取することにより、該ポリペプチドを製造することができる。該動物中の生成・蓄積場所としては、例えば、該動物のミルク（特開昭63-309192）、卵等をあげることができる。この際に用いられるプロモーターとしては、動物で発現できるものであればいずれも用いることができるが、例えば、乳腺細胞特異的なプロモーターである $\alpha$ カゼインプロモーター、 $\beta$ カゼインプロモーター、 $\beta$ ラクトグロブリンプロモーター、ホエー酸性プロテインプロモーター等が好適に用いられる。

## 【 0 1 8 9 】

植物個体を用いて本発明のポリペプチドを製造する方法としては、例えば本発明のポリペプチドをコードするDNAを導入したトランスジェニック植物を公知の方法〔組織培養，20（1994）、組織培養，21（1995）、Trends in Biotechnology, 15, 45（1997）〕に準じて栽培し、該ポリペプチドを該植物中に生成・蓄積させ、該植物中より該ポリペプチドを採取することにより、該ポリペプチドを生産する方法があげられる。

## 【 0 1 9 0 】

本発明の形質転換体により製造されたポリペプチドを単離精製するためには、通常の酵素の単離精製法を用いることができる。例えば本発明のポリペプチドが、細胞内に溶解状態で発現した場合には、培養終了後、細胞を遠心分離により回収し、水系緩衝液にけん濁後、超音波破碎機、フレンチプレス、マントンガウリンホモゲナイザー、ダイノミル等により細胞を破碎し、無細胞抽出液を得る。該無細胞抽出液を遠心分離することにより得られる上清から、通常の酵素の単離精製法、即ち、溶媒抽出法、硫酸等による塩析法、脱塩法、有機溶媒による沈殿法、ジエチルアミノエチル（DEAE）セファロース、DIAION HPA-75（三菱化成社製）等のレジンを用いた陰イオン交換クロマトグラフィー法、S-Sepharose FF（Pharmacia社製）等のレジンを用いた陽イオン交換クロマトグラフィー法、ブチルセファロース、フェニルセファロース等のレジンを用いた疎水性クロマトグラフィー法、分子篩を用いたゲルろ過法、アフィニティークロマトグラフィー法、

クロマトフォーカシング法、等電点電気泳動等の電気泳動法等の手法を単独あるいは組み合わせて用い、精製標品を得ることができる。

【 0 1 9 1 】

また、該ポリペプチドが細胞内に不溶体を形成して発現した場合は、同様に細胞を回収後、破碎し、遠心分離を行うことにより、沈殿画分としてポリペプチドの不溶体を回収する。回収したポリペプチドの不溶体を蛋白質変性剤で可溶化する。該可溶化液を希釈または透析し、該可溶化液中の蛋白質変性剤の濃度を下げることにより、該ポリペプチドを正常な立体構造に戻す。該操作の後、上記と同様の単離精製法により該ポリペプチドの精製標品を得ることができる。

【 0 1 9 2 】

本発明のポリペプチド、あるいは該ポリペプチドに糖鎖の付加されたポリペプチド等の誘導体が細胞外に分泌された場合には、培養上清に該ポリペプチドあるいは該ポリペプチドの誘導体を回収することができる。即ち、該培養物を上記と同様の遠心分離等の手法により処理することにより培養上清を取得し、該培養上清から、上記と同様の単離精製法を用いることにより、精製標品を得ることができる。

【 0 1 9 3 】

このようにして取得されるポリペプチドとして、例えば、配列番号 3 4 9 3 ～ 6 9 8 3 記載のアミノ酸配列を有するポリペプチドをあげることができる。

また、本発明のポリペプチドは、Fmoc法（フルオレニルメチルオキシカルボニル法）、tBoc法（t-ブチルオキシカルボニル法）等の化学合成法によっても製造することができる。また、Advanced ChemTech社製、パーキン・エルマー社製、Pharmacia社製、Protein Technology Instrument社製、Synthecell-Vega社製、PerSeptive社製、島津製作所等のペプチド合成機を利用して化学合成することもできる。

【 0 1 9 4 】

本発明の形質転換体は、本発明のポリペプチド生産以外の目的にも使用することができる。アミノ酸、核酸、ビタミンなどの生理活性物質の生合成経路、分解経路およびその調節機構は生物種により異なる。その相違を利用して、異種由来



のそれらの生合成関連遺伝子を導入することで、それら生理活性物質の生産性を高めることが可能である。例えば、植物種子における必須アミノ酸の一つリジンの含有量は、細菌由来の生合成酵素遺伝子の導入により増大することが報告されている (W093/19190)。また、大腸菌由来のアルギニン生合成遺伝子を Corynebacterium glutamicum に導入すると、アルギニンの過剰生産が起こることが報告されている (特公平5-23750)。

## 【 0 1 9 5 】

それらの生理活性物質の生産のための本発明の形質転換体の培養は、これまでに記した本発明のポリペプチド生産のための形質転換体の培養方法と同じ方法で行うことができる。培養物からの該生理活性物質の採取も、イオン交換樹脂法、沈殿法、その他公知の方法の組み合わせで行うことができる。

## 【 0 1 9 6 】

本発明は、本発明のポリヌクレオチドおよびその断片の塩基配列、並びに本発明のポリペプチドのアミノ酸配列を記録したコンピューターで読みとり可能な媒体に関する。

「コンピューターで読みとり可能な媒体」とは、コンピューターによって直接読みとられ、アクセスされうる任意の媒体をいう。このような媒体としては、フロッピーディスク、ハードディスク、磁気テープなどの磁気記憶媒体、CD-ROM、CD-R、CD-RW、DVD-ROM、DVD-RAMなどの光学記憶媒体、RAMやROMなどの電気記憶媒体、およびこれらのカテゴリーのハイブリッド（例えばMOなどの磁気／光学記憶媒体）が挙げられるが、これらに限定されない。

## 【 0 1 9 7 】

上記媒体に記録させるための機器、あるいは媒体中の情報を読みとるための機器の選択は、媒体の種類とアクセス方法に基づく。また、種々のデータプロセッサプログラムおよびフォーマットが、本発明のポリヌクレオチド配列情報を該媒体に記録させるために用いられる。配列情報は市販のソフトウェアでフォーマットされたテキストファイルあるいはASCIIファイルの形態で表しうる。これら配列情報にアクセスするためのソフトウェアも公的に入手可能であり、従って、当業者は容易にこの情報を利用することができる。

## 【 0 1 9 8 】

本発明はさらに上記の配列情報を利用するコンピューターベースのシステムを提供する。このシステムは、例えば、コリネバクテリウム・グルタミカム (Corynebacterium glutamicum) またはその類縁微生物の育種のために有用な配列を同定するために用いられる。

## 【 0 1 9 9 】

ここで「コンピューターベースのシステム」とは、本発明のポリヌクレオチド配列の情報を分析するために使用されるハードウェア手段、ソフトウェア手段、およびデータ記憶手段をいう。ハードウェア手段は基本的に、入力装置、データ記憶装置、中央演算処理装置、出力装置からなる。ソフトウェア手段は、記憶された情報と上記ハードウェア手段を用いて配列情報に関する検索手段を行う。データ記憶手段とは、本発明の配列情報を記憶するメモリ、およびそれにアクセスしうるメモリアクセス手段をいう。

## 【 0 2 0 0 】

ここで「検索手段」とは、塩基またはアミノ酸配列情報から生物学的に意味のある構造を検索するために、コンピューターベースのシステムで実行される一つまたはそれ以上のプログラムをいう。

その具体的な目的は、例えば、ゲノムにおけるポリペプチドコード領域やプロモーター領域の同定であり、あるいは標的配列または標的構造モチーフに類似するゲノム領域またはポリペプチド領域の同定である。そのための種々の既知の方法が開示され、検索手段を実行するための種々のソフトウェアが市販されており、本発明の目的のために使用しうる。

## 【 0 2 0 1 】

コード領域やプロモーター領域の推定は、個々のコード領域（またはプロモーター領域）に共通する特徴を抽出し、それに基づく一般的モデルを構築し、対象配列とそのモデルとの適合度を測ることにより、該領域を予測する事により行われる。そのためのソフトウェアとして、GeneMark [Borodovskyら、Nuc. Acids Res. 22:4756-67 (1994)]、GeneHacker [矢田ら、蛋白質核酸酵素、42:3001-07 (1997)]、Glimmer [The Institute of Genomic Research; Salzbergら、Nuc. A

cids Res. 26:544-548 (1998)] 等があげられる。

#### 【 0 2 0 2 】

「標的配列」とは、6個以上のヌクレオチドの塩基配列あるいは2個以上のアミノ酸配列またはそのアミノ酸配列をコードする塩基配列である。標的配列は、配列が長くなるほど、データベース中にランダムに現れる可能性は少なくなる。標的配列のもっとも好ましい長さは、約10から100個のアミノ酸、または約30から300個のヌクレオチド残基である。

#### 【 0 2 0 3 】

「標的構造モチーフ」または「標的モチーフ」とは、任意の合理的に選択される配列または配列の組み合わせをいい、ポリペプチドの折り畳みに際し形成される3次元構造に基づいて選択されるもので、種々のモチーフが公知である。ポリペプチドの標的モチーフは、例えば酵素活性部位やシグナル配列であるが、これらに限定されることはない。核酸の標的モチーフとしては、プロモーター配列、転写調節因子結合配列やヘアピン構造等があげられる。標的配列または標的構造モチーフに類似するゲノム領域またはポリペプチド領域の同定（相同性検索）のためのソフトウェアとしては、FASTA [Pearsonら、Proc. Natl. Acad. Sci. US A 85:2444-48 (1988)]、BLAST [Altschulら、J.Mol.Biol. 215:403-410 (1990)]、Smith-Waterman [Watermanら、Methods in Enzymology 164:765(1988)]、GenetyxMac (Software Development社製)、GCGパッケージ (Genetics Computer Group社製)、GenCore (Compugen社製)等があげられる。

#### 【 0 2 0 4 】

また、本発明はまた、本発明の配列情報を記録した媒体を利用し、コリネバクテリウムに属する微生物、とくにコリネバクテリウム・グルタミクム (Corynebacterium glutamicum) またはその類縁微生物由来のORF、EMF等の塩基配列もしくはアミノ酸配列と該媒体に記録された塩基配列もしくはアミノ酸配列を比較することで、コリネバクテリウムに属する微生物のゲノム間の相違点を見出す方法を提供する。例えば、該コリネバクテリウム・グルタミクム (Corynebacterium glutamicum) またはその類縁微生物とコリネバクテリウム・グルタミクム (Corynebacterium glutamicum) ATCC13032株ゲノムとの相違点を見いだすことが

できる。これにより、例えばコリネバクテリウム・グルタミカム (Corynebacterium glutamicum) またはその類縁微生物に由来するアミノ酸、核酸、またはビタミン生産についての変異株における変異点の同定が可能になる。産業上重要なこのような変異株における変異点の同定は、さらに生産性が向上した変異株の作成のために非常に有用な情報を提供する。

## 【 0 2 0 5 】

本発明は、本発明のポリヌクレオチドのホモログ配列を有するコリネバクテリウム (Corynebacterium) 由来の微生物またはそれ以外の生物由来のポリヌクレオチドも提供する。このホモログのポリヌクレオチドは、例えば、配列番号 1 ～ 3 4 9 2 に示された塩基配列の任意の部分配列、その縮重変異体の塩基配列、もしくはその相補配列を含むポリヌクレオチド断片をプローブとしたハイブリダイゼーション実験により取得することができる [Maniatisら、Molecular cloning/a laboratory manual (second edition), Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989]。または、配列番号 1 ～ 3 4 9 2 に示された塩基配列の任意の部分配列、その縮重変異体の塩基配列、もしくはその相補配列を有するポリヌクレオチド断片を増幅プライマーとするPCR実験によっても取得することができる [Dieffenbachら、PCR Primer/a laboratory manual, Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989]。

## 【 0 2 0 6 】

本発明はまた、本発明のポリヌクレオチド断片の少なくとも一つを含むポリヌクレオチドアレイも提供する。ここでいうポリヌクレオチドアレイとは、DNAチップ、DNAマイクロアレイ、DNAマクロアレイなどと呼ばれるものを含むもので、スライドガラスやナイロン膜などの表面に複数のポリヌクレオチド断片を高密度で固着させたものをいう。これと生物材料由来の核酸分子 (DNA、RNA) とのハイブリダイゼーション実験により、変異の検定や遺伝子の発現量測定などが可能となる [Hacia, J.G. Nat. Genet. 21:42-47 (1999)、Dugganら Nat. Genet. 21:10-14 (1999)]。ポリヌクレオチドアレイ、特にDNAマイクロアレイの調製法とそれを用いた解析法は、例えば以下の通りである。

## 【 0 2 0 7 】

例えば、コリネバクテリウム・グルタミカム (Corynebacterium glutamicum) の全 O R F の発現解析のためのアレイを調製する場合、各 O R F 内の任意の領域、望ましくは反復配列を含まない領域の 5' 末端と 3' 末端の塩基配列に対応するプライマーを用いて該領域の塩基配列を PCR にて増幅し、それを担体に固着すればよい。ポリヌクレオチド断片の担体への固着法は、例えばポリリジンなどのポリ陽イオンの付着等化学的に表面処理した担体に接着させる方法 [Cheung ら、Nat. Genet. 21:15-19 (1999)] が一般的である。すでにこのような表面処理が施されたスライドグラスも一般に入手可能である。スライドグラスに高密度にポリヌクレオチド断片をスポットさせるためには、アレイヤーロボットなどの機器が必要であるが、これらは市販され、一般に入手可能である (例えば、GMS417 Arrayer、宝酒造社製)。従って、コリネバクテリウム・グルタミカム (Corynebacterium glutamicum) の全ゲノムにわたる塩基配列情報があれば、該菌株の全遺伝子を解析対象にした DNA マイクロアレイの調製は、当業者には容易に実施可能である。

## 【 0 2 0 8 】

あるいは、光リソグラフ法などにより本発明のオリゴヌクレオチドを担体上で直接合成してもよい [Lipshutz ら、Nat. Genet. 21:20-24 (1999)]。この方法ではまず、光照射により除去できる保護基を持ったリンカーをスライドグラスなどの担体に固着させる。そこに限られた部分のみ光を透過させるためのマスク (光リソグラフマスク) を通して光を当てる。そこに、光照射により除去できる保護基を持ったオリゴヌクレオチドを加えると、光の当たった部分のみ、そのヌクレオチドとの連結反応が起こる。これを繰り返すことにより、領域ごとに異なる、望みの配列のオリゴヌクレオチドを合成することができる。合成するオリゴヌクレオチドの長さは、10~30塩基が一般的である。この長さのオリゴヌクレオチドから構成させる DNA マイクロアレイでは、転写解析の他、遺伝子の変異または多型解析が可能である。すでにこのタイプの DNA マイクロアレイを用いて、ヒトの 2,300 キロベースにわたる領域中の SNP (一塩基多型) が同定されている [Wang ら、Science 280:1077-82 (1998)]。従って当業者にとってコリネバクテリウム・グルタミカム (Corynebacterium glutamicum) (本発明によれば、全長約

3,300キロベース)の全ゲノムにわたる塩基配列情報があれば、このタイプのDNAマイクロアレイについても調製可能であり、該DNAマイクロアレイを用いることによるコリネバクテリウム・グルタミカム (*Corynebacterium glutamicum*) またはその近縁種、およびアミノ酸、核酸、ビタミン生産変異株などそれらに由来する株の全ゲノムにわたる変異点(またはSNPなどの多型)の同定と発現解析が可能である。

#### 【0209】

これらのポリヌクレオチドアレイを用いた転写解析法、あるいは変異点(多型)解析法については公知の方法を用いることができる[DeRisiら、*Science* 278: 680-686 (1997); Wilsonら、*Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 96:12833-38 (1999); Behrら、*Science* 284:1520-23 (1999)]。転写解析のための細菌のメッセンジャーRNA (mRNA) 単離は、例えばコリネバクテリウム・グルタミカム (*Corynebacterium glutamicum*) については、Bormannらの方法[Mol. Microbiol. 6:317-326 (1992)]を用いれば実行可能である。そのようにして調製したRNAには、目的とするmRNA以外に大過剰のリボソームRNA (rRNA) が含まれるが、解析の大きな支障にはならない。標識化は、生体材料より抽出した核酸分子に行われ、蛍光色素を用いる方法やラジオアイソトープを用いる方法等があげられる。具体的な方法としては、例えば、細菌より抽出したRNAにソラレン-ビオチンを紫外光でクロスリンクさせ、ハイブリダイゼーション反応後にストレプトアビジンを結合させた蛍光色素をビオチン部に結合させることによる標識化があげられる[Nature Biotechnology 16:45-48 (1998)]。あるいは、細菌より抽出したRNAを鋳型、ランダムプライマーをプライマーにした逆転写反応を行い、蛍光色素、例えばCy 3, Cy 5を結合させたdUTP (Amersham Pharmacia Biotech社)をcDNAに取り込ませることで実行できる[Wilsonら、*Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 96:12833-38 (1999)]。ランダムプライマーの代わりにORFの3'端の相補配列群をプライマーに使用することで、標識の特異性をより高めることも可能である[Taoら、*J. Bacteriol.* 181:6425-40 (1999)]。ハイブリダイゼーションおよびその後の洗浄操作は通常の条件で行うことができる[例えば、*Nature Biotechnology* 14:1675-80 (1996)]。

## 【 0 2 1 0 】

遺伝子の転写量はハイブリダイゼーションの強度で表される。ハイブリダイゼーションの強度は、標識に使用した分子により、蛍光シグナルや放射能、発光量等で測定される。これらはレーザー共焦点顕微鏡、CCDカメラ、放射線のイメージング装置（例えばAmersham Pharmacia Biotech社製、STORM）などにより可視化、および定量化される。スライドガラス上のポリヌクレオチドアレイについての解析装置は、GMS418 Array Scanner（宝酒造社製）等が市販されており、これらを利用することもできる。これらの発現データの解析には、市販の解析ソフトウェア（例えば宝酒造社製、ImaGene；富士フイルム社製、Array Gauge；Amersham Pharmacia Biotech社製、ImageQuant等）が使用できる。

以下に本発明の実施例を示す。

## 【実施例】

## 【 0 2 1 1 】

実施例 1 コリネバクテリウム・グルタミクム (Corynebacterium glutamicum) ゲノムの全塩基配列決定

コリネバクテリウム・グルタミクム (Corynebacterium glutamicum) ゲノムの全塩基配列決定は全ゲノムショットガン法 (Fleischmannら、Science 269:496-512 (1995)) を基本とした。この方法では、ゲノムライブラリーを作成し、その末端配列をランダムに決定し、その配列をコンピューター上で連結し、全ゲノムを覆っていった。具体的には以下のように行った。

## 【 0 2 1 2 】

(1) コリネバクテリウム・グルタミクム (Corynebacterium glutamicum) ATCC13032株ゲノムDNAの調製

コリネバクテリウム・グルタミクム (Corynebacterium glutamicum) ATCC13032株を1%グリシンを含むBY培地（肉エキス7g/L、ペプトン10g/L、塩化ナトリウム3g/L、酵母エキス5g/L、pH 7.2）50mlで30℃にて終夜培養し、遠心分離により菌体を回収した。STEバッファー（10.3% sucrose、25 mmole/L Tris塩酸塩、25 mmole/Lエチレンジアミン四酢酸（以下、EDTAと略記）、pH 8.0）で菌体を洗浄した後、10 mg/mlのリゾチームを含むSTEバッファー10 mlに懸濁し、37℃で1時

間緩やかに振とうした。10% SDSを2 ml添加して溶菌させ、65℃で10分間保持したのち、常温まで冷却した。10 mlのTris中和フェノールを加え、室温で30分間緩やかに振とうした後、遠心分離（15,000×g、20分間、20℃）を行った。水層を分取し、同様の操作でフェノール/クロロホルム抽出、クロロホルム抽出（2回）を行った後、水層に1/10量の3 mole/L酢酸ナトリウム溶液（pH 5.2）、2倍量のイソプロパノールを加え、緩やかに混和し、ゲノムDNAを沈殿させた。再びゲノムDNAを0.02 mg/mlのRNaseを含むTEバッファー（10 mmole/L Tris塩酸塩、1 mmole/L EDTA、pH8.0）3 mlに溶解し、37℃にて45分間保持した後、上記と同様にフェノール抽出、フェノール/クロロホルム抽出、クロロホルム抽出を行った。イソプロパノール沈殿を行い、生じたゲノムDNA沈殿を70%エタノールで3回洗浄した後、風乾し、1.25 mlのTEバッファーに溶解して、ゲノムDNA溶液（濃度0.1 mg/ml）を得た。

### 【 0 2 1 3 】

#### （2）ショットガンライブラリーの作製

調製したコリネバクテリウム・グルタミカム (*Corynebacterium glutamicum*) ATCC13032株ゲノムDNA 0.01 mgを、全量0.4 mlになるようにTEを加え、ソニケーター（yamato powersonic model 50）で、出力20で連続5秒間処理し、1～10 kbの断片に分断した。DNAブランディングキット（宝酒造社製）を用いて、ゲノム断片の末端を平滑化したのち、6%ポリアクリルアミドゲル電気泳動により分画した。1～2kbのゲノム断片をゲルから切り出し、0.3 mlのMG溶出バッファー（0.5 mole/L酢酸アンモニウム、10 mmole/L酢酸マグネシウム、1 mmole/L EDTA、0.1% SDS）を加え、37℃で終夜振とうしてDNAを溶出した。DNA溶出液をフェノール/クロロホルム処理後、エタノール沈殿しゲノムライブラリーインサートを得た。T4リガーゼ（宝酒造社製）を用いて、インサート全量とpUC18 *Sma*I/BAP（Amersham Pharmacia Biotech社製）500 ngとを16℃で、40時間ライゲーションした。

ライゲーション反応物をエタノール沈殿し、0.01 mlのTEバッファーに溶解した。ELECTRO MAX DH10B cells（Life Technologies社製）0.04 mlに対して0.001 mlのライゲーション溶液を、添付実験書に示された条件で、エレクトロポレシ



ョンにより導入した。これをアンピシリン0.1 mg/ml、X-gal 0.1 mg/ml、イソプロピル-β-D-チオガラクトピラノシド (IPTG) 1 mmole/Lを含むLB平板培地 (寒天を1.6%含むLB培地 [バクトトリプトン10g/L、酵母エキス5g/L、塩化ナトリウム10g/L、pH7.0]) にまき、37℃終夜培養した。得られたコロニーは、96穴タイタープレートにてアンピシリン0.1 mg/mlを含むLB培地0.05 mlで37℃終夜静置培養した後、20%グリセロールを含むLB培地を0.05 ml加え、攪拌してグリセロールストックとした。

## 【 0 2 1 4 】

## (3) コスミドライブラリーの作成

コリネバクテリウム・グルタミクム (*Corynebacterium glutamicum*) ATCC13032株ゲノムDNA約0.1 mgをSau3AI(宝酒造社製)で部分消化し、10% 及び40% sucroseバッファー (1 mole/L NaCl、20 mmole/L Tris塩酸塩、5 mmole/L EDTA、10%又は40% sucrose、pH8.0) を用いて作製した10-40%ショ糖密度勾配を用いて、超遠心分離 (26,000rpm、18時間、20℃) を行った。遠心分離後1mlずつチューブに分取し、アガロースゲル電気泳動で各画分のDNA断片長を確認した後、40kbのDNA断片を多く含む画分をエタノール沈殿した。

## 【 0 2 1 5 】

このDNA断片をsuperCos1(Stratagene社製)のBamHI部位に、添付実験手順書に従い連結した。連結産物は、Gigapack III Gold Packaging Extract (Stratagene社製) を用いて、添付実験手順書に従い、大腸菌XL1-BlueMR (Stratagene社製) 株に導入した。これをアンピシリン0.1 mg/mlを含むLB平板培地に塗布し、37℃で終夜培養し、コロニーを単離した。得られたコロニーは、96穴タイタープレートでアンピシリン0.1 mg/mlを含むLB培地各ウェル0.05 mlで37℃終夜静置培養した後、20%グリセロールを含むLB培地を0.05 ml加え、攪拌してグリセロールストックとした。

## 【 0 2 1 6 】

## (4) 塩基配列の決定

## (4-1) 鋳型の調製

コリネバクテリウム・グルタミクム (*Corynebacterium glutamicum*) ATCC13032

2株ゲノムの全塩基配列を全ゲノムショットガン法 [Fleischmannら、Science 269:496-512 (1995)] を基本にして決定した。それに用いる鋳型は (2) で調製したライブラリーよりPCR反応により調製した [Makinoら、DNA Research 5, 1-9 (1998)] 。

## 【 0 2 1 7 】

具体的には、アンピシリン0.1 mg/mlを含むLB培地をウェルあたり0.08 mlずつ分注した96穴タイタープレートに全ゲノムショットガンライブラリー由来クローンをレプリケーター (GENETIX社製) で植菌し、37℃で終夜静置培養を行った。挿入断片のPCR方による増幅には、TaKaRa Ex Taq (宝酒造社製) を用いて、PCR反応液を0.025 mlずつ分注した96穴リアクションプレート (PE Biosystems社製) に菌体をコピープレート (トッケン社製) にて移し、GeneAmp PCR System 9700 (PE Biosystems社製) を用いて牧野らのプロトコール [Makinoら、DNA Research 5, 1-9 (1998)] に従いPCR反応を行った。PCR産物精製用キット (Amersham Pharmacia Biotech社製) により余剰プライマー及びヌクレオチドの除去を行い、これをシーケンス反応の鋳型として用いた。

## 【 0 2 1 8 】

一部の塩基配列決定は2本鎖DNAプラスミドを鋳型にして行った。その調製はプラスミド自動調製機KURABO PI-50 (倉敷紡績社製) を用いたり、マルチスクリーン (Millipore社製) を用いて行った。マルチスクリーンを用いてプラスミドを精製する場合には、バックマンコールター社のバイオメック2000を用いた。培養は、24穴または96穴プレートの各ウェルにアンピシリン0.05 mg/mlを含む2xYT培地 (バクトトリプトン16g/L、酵母エキス10g/L、塩化ナトリウム5g/L、pH7.0) を1.5 mlずつ分注し、これに全ゲノムショットガンライブラリー由来クローンを植菌し、37℃で終夜振とう培養を行った。培養液からのプラスミドの精製は、倉敷紡績社もしくはMillipore社のプロトコールに従った。プラスミドは0.1mg/ml程度になるように水に溶解しシーケンシングの鋳型とした。

## 【 0 2 1 9 】

## (4-2) シーケンス反応

ABI PRISM BigDye Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction Kit (PE Bi

osystems社製) 溶液0.006 mlに対し、M13順方向 (M13-21)プライマー又はM13逆方向 (M13REV)プライマー [Makinoら、DNA Research 5, 1-9 (1998)]、および上記(4-1)で調製した鋳型(PCR産物又はプラスミド)を混ぜ0.01 mlのシーケンス反応液とした。プライマーおよび鋳型の量は各々1.6 pmoleおよび50-200 ngである。この反応液を用い、GeneAmp PCR System 9700 (PE Biosystems社製)で45サイクルのダイターミネーターシーケンス反応を行った。サイクルパラメーターはABI PRISM BigDye Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction Kitに付属するプロトコルに従った。サンプルの精製はMultiScreen HV plate (Millipore社製)を用い、Millipore社のプロトコルに従って行った。精製された反応物はエタノール沈殿、乾燥の後、-30℃の暗所で保存した。

## 【 0 2 2 0 】

反応物はABI PRISM 377 DNA Sequencer およびABI PRISM 3700 DNA Analyser (いずれもPE Biosystems社製)を用いて付属のプロトコルに従って分析した。377 DNA Sequencerで得られた約42000配列と3700 DNA Analyserで得られた約8000反応の合計約50000配列のデータは、サーバー(アルファサーバー4100; COMPAQ社製)へ転送し保存した。約50000配列分のデータは、ゲノムサイズの約6倍に相当した。

## (5) アセンブリ

全ての作業はUnixプラットフォームに基づき行い、解析結果の出力はXウィンドウシステムを用いマッキントッシュプラットフォームで行った。ベースコールをphred (The University of Washington) で、ベクター配列の除去をSPS Cross #Match (Southwest Parallel Software社製)で行い、アセンブリを phrap (The University of Washington) の高速版であるSPS Phrap (Southwest Parallel Software社製)で行った。アセンブリの結果得られるコンティグはグラフィカルエディター-consed(The University of Washington)を用いて解析した。ベースコールからアセンブリまでの一連の作業はconsedに付属するスクリプトphredPhrapを利用することで一括して行った。

## 【 0 2 2 1 】

## (6) ギャップ部分の塩基配列決定

(3) で構築したコスミドライブラリー中の各コスミドを(4-1)に記載した2本鎖DNAプラスミド調製と同様な方法で調製した。このコスミドの挿入断片末端部の塩基配列をABI PRISM BigDye Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction Kit (PE Biosystems社製)を用いて、付属するマニュアルに従って決定した。

#### 【 0 2 2 2 】

コスミド約800クロンの挿入断片の両末端のシーケンシングを行い、その配列と一致する(5)で得られたショットガンシーケンシング由来コンティグ中の塩基配列を検索した。この作業により各コスミドクロンと各コンティグの連鎖関係を解明し、相互整列化を行った。また、この結果をコリネバクテリウム・グルタミカム (*Corynebacterium glutamicum*) ATCC13032株のフィジカルマップ [Batheら、Mol Gen Genet 252:255-265(1996)] と対応させることにより、コスミドとコンティグのマッピングを行った。

#### 【 0 2 2 3 】

また、コンティグではカバーされない領域(ギャップ部)に対しては、まず、コンティグの末端に位置する配列を含むクロンを選抜した。これらの中から、挿入断片の片側の末端のみの配列しか決定されていない約1000クロンを選抜して、挿入断片の逆末端の配列を決定した。引き続き、2つのコンティグに、挿入断片のそれぞれの末端の配列が含まれるような全ゲノム由来ショットガンライブラリークロンまたはコスミドクロンを同定し、該クロンの挿入断片の全塩基配列を決定することにより、このギャップ部分の塩基配列を決定した。ギャップ部分をカバーするショットガンライブラリークロンもしくはコスミドクロンがない場合には、そのコンティグ末端の配列に相補するプライマーを作成し、PCRによってギャップ領域のDNA断片を増幅し、これを鋳型としたプライマーウォーキング法、もしくは増幅したPCR断片から調製したショットガンクロンの配列を決定するショットガン法によりシーケンシングを行い、該領域の塩基配列を決定した。

配列精度の低い領域については、consed(The University of Washington) のAUTOFINISH機能とNAVIGATING機能を利用してプライマーを合成し、プライマーウ

オーキング法により配列決定を行い配列精度を高めた。このようにして決定したコリネバクテリウム・グルタミクム (Corynebacterium glutamicum) ATCC13032 株ゲノムの全塩基配列を配列番号 1 に示す。

【 0 2 2 4 】

#### (7) O R F の同定と機能推定

配列番号 1 に示される塩基配列中の O R F の同定は、以下のように実施した。まず、UNIX プラットフォーム上にて O R F 同定ソフトウェア Glimmer (The Institute of Genomic Research 製)、GeneMark (GenePro 社製)、GeneMark.hmm (GenePro 社製) などを用いて、ソフトウェアに付属するマニュアルに従って、O R F 領域の推定を行った。それらの結果をもとに、配列番号 1 に示される塩基配列中の O R F を同定した。O R F の機能推定は、同定された O R F のアミノ酸配列を Swiss-Prot、PIR、GeneBank データベース由来の蛋白質コード領域からなるデータベースである Genpept などのアミノ酸データベースに対して、相同性検索ソフトウェア FrameSearch (Compugen 社製) を用いた相同性検索することにより行った。このようにして決定した O R F の塩基配列を配列番号 2 ～ 3 4 9 2 に、また当該 O R F にコードされるアミノ酸配列を配列番号 3 4 9 3 ～ 6 9 8 3 に示す。

上記 O R F のゲノム上の位置については、第 1-1 表～第 1-9 7 表に示した。更に当該位置を、任意の O R F の塩基配列と配列番号 1 の塩基配列とのアラインメントを取ることで確認した。O R F 以外の塩基配列 (例えばリボソーム R N A 遺伝子やトランスファー R N A 遺伝子、IS 配列など) についても、同様にゲノム上の位置決定をすることができる。コリネバクテリウム・グルタミクム (Corynebacterium glutamicum) ATCC13032 株の代表的遺伝子のゲノム上の位置を図 1 に示す。

【 0 2 2 5 】

#### 【発明の効果】

本発明によりコリネバクテリウム (Corynebacterium) 属に属する微生物、とくにコリネバクテリウム・グルタミクム (Corynebacterium glutamicum) 由来のポリヌクレオチドおよびその断片、該ポリヌクレオチドおよびその断片よりコードされるポリペプチド、該ポリヌクレオチドおよびその断片を含む D N A チップ

、該ポリヌクレオチドおよびその断片の塩基配列を記録したコンピュータで読みとり可能な媒体およびそれらの使用が提供される。

【 0 2 2 6 】

【配列表】

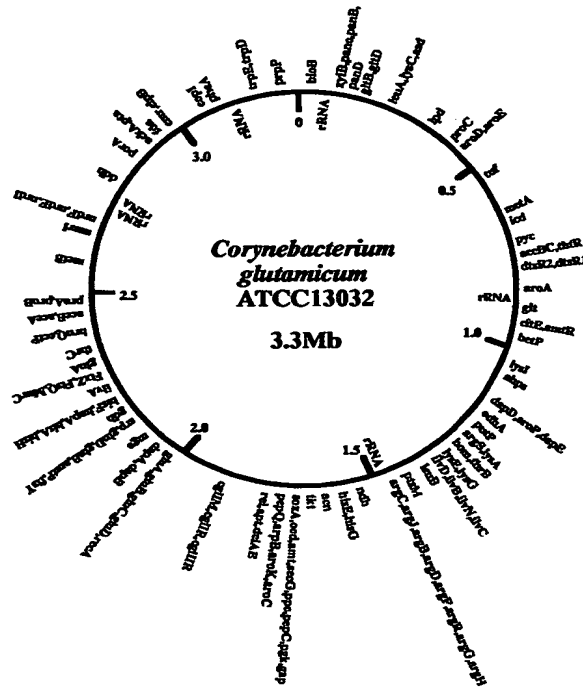
【図面の簡単な説明】

【図 1】 代表的な遺伝子の位置を示したコリネバクテリウム・グルタミクム (Corynebacterium glutamicum) ATCC13032株ゲノムのマップを示す。

【書類名】

図面

【図 1】



【書類名】 要約書

【要約】

【課題】

本発明の目的は、コリネバクテリウム (Corynebacterium) 属に属する微生物  
またはその類縁微生物の遺伝子情報を提供することにある。

【解決手段】

本発明は、コリネバクテリウム (Corynebacterium) 属に属する微生物、とく  
にコリネバクテリウム・グルタミカム (Corynebacterium glutamicum) 由来のポ  
リヌクレオチドおよびその断片、該ポリヌクレオチドおよびその断片よりコード  
されるポリペプチド、該ポリヌクレオチドおよびその断片を含むポリヌクレオチ  
ドアレイ、該ポリヌクレオチドおよびその断片の塩基配列を記録したコンピュー  
タで読みとり可能な媒体およびそれらの使用法を提供する。

【選択図】 なし



出 願 人 履 歴 情 報

識別番号 [000001029]

1. 変更年月日 1990年 8月 6日  
[変更理由] 新規登録  
住 所 東京都千代田区大手町1丁目6番1号  
氏 名 協和醗酵工業株式会社